

TARTU ÜLIKOO

LOODUS- JA TÄPPISTEADUSTE VALDKOND

MATEMAATIKA JA STATISTIKA INSTITUUT

KIRILL SMIRNOV

Eesti piimakarjas kasutatavate pullide geneetiline sugulus

MATEMAATILISE STATISTIKA ERIALA

BAKALAUREUSETÖÖ (9 EAP)

JUHENDAJA: TANEL KAART

TARTU 2018

Eesti piimakarjas kasutatavate pullide geneetiline sugulus

Bakalaureusetöö

Kirill Smirnov

Lühikokkuvõte. Käesoleva bakalaureusetöö eesmärk on uurida tänapäeval Eestis piimakarjades kasutatavate pullide omavahelist geneetilist sugulust tuginedes kogu teadaolevale põlvnemisinfolle. Töö teoreetilises osas antakse ülevaade inbriidingukoefitsiendi ja aditiivgeneetilise suguluse kordaja olemusest ning nende arvutamise meetoditest, tutvustatakse suguluskoefitsientide leidmist tarkvara R abil. Töö praktilises osas analüüsitakse kogu elektroonselt olemas olevat Eesti piimaveiste sugupuud. Andmestiku, mis on pärit Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli AS- st ja sisaldab üle 1,7 miljoni looma, alusel hinnatakse R-i paketi *pedigreemm* kõigi loomade inbriidingukoefitsiendid ning uuritakse täpsemalt Eestis viimastel aastatel enam kasutatud pullide omavahelist sugulust.

CERCS teaduseriala: P160 Statistika, operatsioonanalüüs, programmeerimine, finants- ja kindlustusmatemaatika; B400 Zootehnika, loomakasvatuse aretustegevus

Märksõnad: populatsioonigeneetika, aditiivgeneetiline sugulus, inbriidingukoefitsient, piimaveised

Genetic relationships between Estonian dairy bulls

Bachelor's thesis

Kirill Smirnov

Abstract. The purpose of this bachelor's thesis is to study the genetic relationships between nowadays used Estonian dairy bulls. In theoretical part of the thesis an overview of the additive genetic relationship, inbreeding coefficient and their calculation methods is given. The calculation of the additive genetic relationship and inbreeding coefficients using statistical software R package *pedigreemm*; is explained. In practical part of the thesis the whole Estonian dairy cows' pedigree obtained from the Estonian Livestock Performance Recording Ltd and containing more than 1.7 million animals is analysed, the inbreeding coefficients of all animals and the additive genetic relationship coefficients between the more frequently used nowadays bulls are calculated.

CERCS research specialisation: P160 Statistics, operation research, programming, actuarial mathematics; B400 Zootechny, animal husbandry, breeding

Keyword: population genetics, additive genetic relationship, inbreeding coefficient, dairy cattle

Sisukord

Sissejuhatus	3
1 Indiviidide vaheline aditiivgeneetiline sugulus ja inbriiding	5
1.1 Aditiivgeneetilise suguluse olemus	5
1.2 Sugulus- ja inbriidingukoefitsientide leidmine Wright'i meetodil	5
1.3 Sugulus- ja inbriidingukoefitsientide leidmine Hendersoni meetodil	10
1.4 Aditiivgeneetilise suguluse maatriksi arvutamine Henderson-Quaasi meetodil	13
2 Sugupuu analüüs R-s	17
2.1 Isekirjutatud funktsioonid aditiivgenetilise suguluse maatriksi arvutamiseks R-s	17
2.2 Sugupuu analüüs paketiga <i>pedigreemm</i>	18
3 Eesti piimaveiste sugupuu analüüs	24
3.1 Andmestiku kirjeldus	24
3.2 Eesti piimaveiste omavaheline sugulus ja inbriiding	28
3.3 Eesti piimakarjas viimastel aastatel kasutatud pullide omavaheline sugulus	33
Kokkuvõte	37
Kasutatud kirjandus	39
Lisad	40

Sissejuhatus

Piimaveisekasvatus on olnud aastaid ja on ka praegu põhiline loomakasvatuseharu Eestis. Lehmade keskmise piimatoodangu poolest hoiab Eesti Euroopas Taani järel kõrget teist kohta. Seejuures on Eesti lehmade keskmine piimatoodang viimase 20 aastaga kahekordistunud. Peamised põhjused piimatoodangu suurenemises on muutunud söötmis- ja pidamistingimised ning intensiivne tõuaretus. Viimase osas on Eesti tõuaretajad olnud juba aastakümneid uhked omamaiste tõupullide üle. Samas on peaaegu kõik Eesti peamise veisetõu – eesti holsteini – viimastel aastatel kasutatud pullid sündinud välismaal või on nende pullide ema ja isa sündinud välismaal. Pullide üliintensiivne seleksioon üle maailma on viinud maakera arvukaima, holsteini piimaveisetõu geneetilise varieeruvuse kahanemiseni, mis omakorda tingib juba tänapäeval suuri probleeme piimaveiste tervise ja sigivusega ning muudab keeruliseks edasise aretustöö. Eesti, kui pulle importiva riigi jaoks tekitab lisaprobleeme ka noorpullide sisseostmise strateegia – sageli on odavam osta ühe tipp-pulli järglasi nii öelda partii kaupa –, mis suurendab Eestis kasutatava tõumaterjali geneetilist sarnasust veelgi.

Omavahel geneetiliselt sarnaste loomade ristamisega suureneb inbriidingu tase, see tähendab, et suureneb loomade homosügootsus ja seeläbi ka risk geneetiliste defektide avaldumiseks. Klassikaliselt mõõdetakse inbriidingu taset loomal inbriidinkoefitsiendiga ja loomade vahelist sugulust aditiivgeneetilise suguluse kordajaga. Mõlemad kordajad arvutatakse sugupuud-andmete alusel ja seega sobivad nad suurepäraselt seni veel mitte genotüüpiseeritud, aga see-eest aastakümnete pikkuselt registreeritud põlvnemisajalooga Eesti piimaveiste omavahelise suguluse ja inbriidingu taseme hindamiseks.

Käesoleva bakalaureuse töö peamiseks eesmärgiks on uurida tänapäeval Eesti piimakarjas kasutatavate pullide omavahelist sugulust, tuginedes kogu teadaolevale põlvnemisinforele. Töö esimeses osas antakse ülevaade inbriidinkoefitsiendi ja aditiivgeneetilise suguluse kordaja olemusest ning nende arvutamise meetoditest. Kirjeldatud meetodeid rakendatakse näitena Hapsburgide dünastia kuningate sugupuul. Töö teises osas tutvustatakse suguluskoeffitsientide leidmist statistikaprogrammi R abil – esmalt töö autori enese poolt kirjutatud funktsioonide abil ja teiseks ülimahukate sugupuude uurimist võimaldava paketi *pedigreemm* abil. Töö kolmandas osas analüüsitakse kogu elektroonselt olemas olevat Eesti piimaveiste sugupuud. Andmestiku, mis on pärit Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli AS-st ja sisaldab üle 1,7 miljoni looma, alusel hinnatakse kõigi loomade inbriidinkoefitsiendid ning uuritakse täpsemalt Eestis viimastel aastatel enam kasutatud pullide

omavahelist sugulust.

Töös on kasutatud statistikaprogrammi R versiooni 3.3.1.

1 Indiviidide vaheline aditiivgeneetiline sugulus ja inbriiding

1.1 Aditiivgeneetilise suguluse olemus

Indiviidid loetakse geneetilises suguluses olevaks, kui neil leidub üks või mitu ühist eellast.

Kahe indiviidi X ja Y geneetilist sugulust mõõdab aditiivgeneetilise suguluse kordaja a_{XY} , mis on defineeritud kui tõenäosus, et indiviidi X juhuslikult valitud alleel on päritolult identne¹ ükskõik kummaga indiviidi Y samas lookuses paiknevatest alleelidest.

Indiviidi X inbriidingukoefitsient F_X on defineeritud kui tõenäosus, et indiviidi juhuslikult valitud lookuses paiknevad alleelid A_i ja A_j on päritolult identsed.

Järgmised punktid selles peatükis baseeruvad loengumaterjalidel Kaart, T. Loomade aretusväärtuse hindamine ja aretusprogrammid[1]; Kaart, T. Populatsioonigeneetika matemaatilised alused[2].

1.2 Sugulus- ja inbriidingukoefitsientide leidmine Wright'i meetodil

Ühe meetodi sugulus- ja inbriidingukoefitsientide arvutamiseks tuletas USA geneetik Sewall Wright 1921. aastal. Nimetatud meetod baseerub kõigi suguluses olevate indiviidide vaheliste radade läbikäimisel sugupuus.

Olgu indiviididel X ja Y ühine vanem Z ja $F_Z = 0$. Siis $a_{XY} = \frac{1}{4}$. Aga kui $F_Z \neq 0$, siis

$$a_{XY} = \frac{1}{4}(1 + F_Z).$$

Kui indiviid Z on ühine mitmete põlvkondade tagune eellane, siis tuleb suguluskoefitsienti korrutada $\frac{1}{2}$ -ga iga täiendava indiviidide X ja Z või Y ja Z vahelise generatsiooni kohta, kuna iga generatsiooniga väheneb sama alleeli pärandumise tõenäosus kaks korda, ehk siis

¹Päritolult identseteks nimetatakse neid allelele, mis on ühise eellase ühe konkreetse alleeli keemilised koopiad

$$a_{XY} = \left(\frac{1}{2}\right)^{n+m}(1 + F_Z),$$

kus n ja m tähistavad vastavalt indiviidide X ja Z ning Y ja Z vahelist põlvkondade arvu.

Erinevaid radu indiviididest X ja Y ühise eellaseni Z võib olla mitmeid, seega tuleb kõik need arvesse võtta. Tulemuseks on valem:

$$a_{XY} = \sum_{j=1}^k \left(\frac{1}{2}\right)^{n_j+m_j}(1 + F_Z),$$

kus k tähistab erinevate radade arvu, n_j ja m_j tähistavad vastavalt indiviidide X ja Z ning Y ja Z vahelist generatsioonide arvu läbi j . raja.

Kui ühiste eellaste arv on l , siis on vajalik summeerimine üle kõigi ühiste eellaste Z_i , kus $i \in \{1 \dots l\}$:

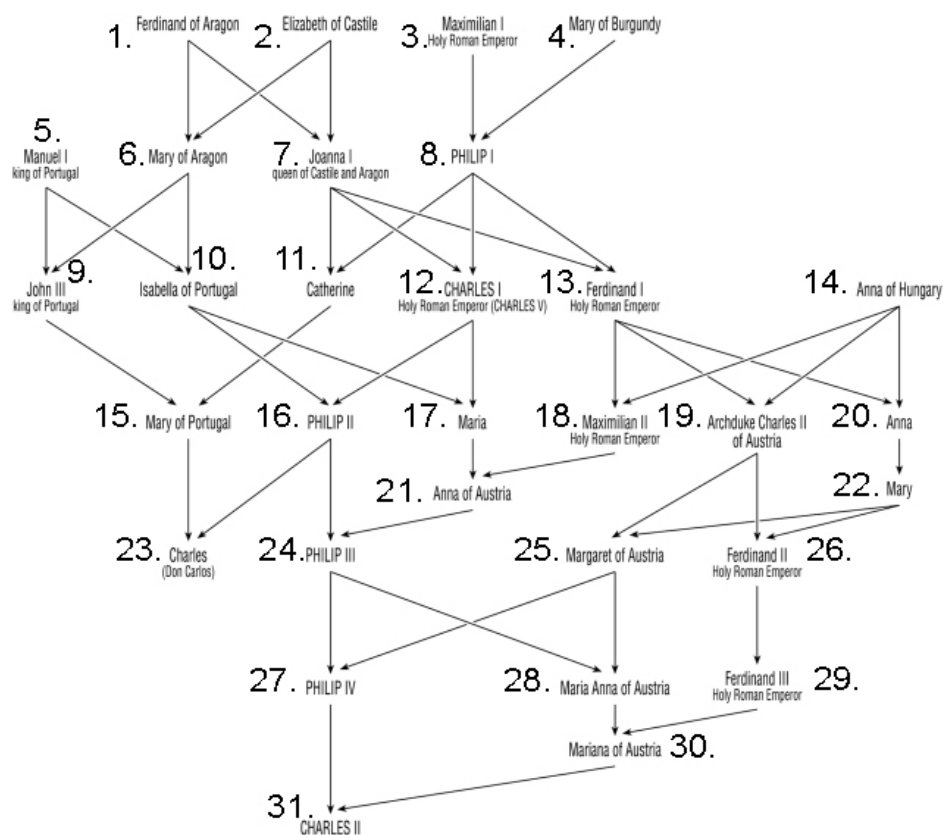
$$a_{XY} = \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^{k_i} \left(\frac{1}{2}\right)^{n_{ij}+m_{ij}}(1 + F_{Z_i}),$$

kus k_i tähistab erinevate radade arvu indiviididest X ja Y ühise eellaseni Z_i , n_{ij} ja m_{ij} tähistavad vastavalt indiviidide X ja Z_i ning Y ja Z_i vahelist generatsioonide arvu läbi j . raja, F_{Z_i} on Z_i inbriidingukoefitsient.

Indiviidi inbriidingukoefitsient on võrdne poolega tema vanemate vahelisest aditiivgeneetilise suguluse kordajast. Oletame, et indiviidi O vanemateks on X ja Y , siis

$$F_O = \frac{1}{2}a_{XY} = \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^{k_i} \left(\frac{1}{2}\right)^{n_{ij}+m_{ij}+1}(1 + F_{Z_i}).$$

Näide 1.2.1. Joonisel 1 on esitatud osa Hapsburgide dünastia kuningate sugupuust[3]. Kasutades Wright'i meetodit, arvutame Charles II (31. isik sugupuus) inbriidingukoefitsiendi ja aditiivgeneetilise suguluse kordaja tema vanemate vahel.



Joonis 1: Hispaania Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu [3]

Kuna indiviidide 1.-5. ja 14. eellasi pole teada, eeldame, et nende inbriidinguoeftsient on võrdne nulliga. Sugupuust on näha, et Charles II vanemate, Philip IV (27.) ja Maria (30.), ühised eellased on inimesed numbritega 1., 2., 7., 8., 13., 14., 19., 22., 24. ja 25.

Omakorda on 24. indiviidi vanematel (16., 21.) ka ühised eellased (1., 2., 7., 8., 10., 12.) ning 25. indiviidi vanemate (19., 22.) ühised eelased on 13. ja 14. Sellest järeldub, et $F_{24} \neq 0$ ning $F_{25} \neq 0$, ehk on vaja eraldi arvutada Philip III (24.) ja Margaret'i (25.) inbriidinguoeftsientid. Arvutused on esitatud tabelites 1 ja 2.

Tabel 1: Philip III inbriidingukoeftsient

Tee	$n_{ij} + m_{ij}$	F_i	F_{24} liidetav
16,10,6, 1 ,7,12,17,21	3 + 4	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^8}$
16,10,6, 1 ,7,13,18,21	3 + 4	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^8}$
16,12,7, 1 ,6,10,17,21	3 + 4	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^8}$
Teed läbi 2. on samad, kui teed läbi 1.		$F_2 = 0$	
16,12, 7 ,13,18,21	2 + 3	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^6}$
16,12, 8 ,13,18,21	2 + 3	$F_8 = 0$	$\frac{1}{2^6}$
16, 10 ,17,21	1 + 2	$F_{10} = 0$	$\frac{1}{2^4}$
16, 12 ,17,21	1 + 2	$F_{12} = 0$	$\frac{1}{2^4}$

$$F_{24} = 6 \cdot \frac{1}{2^8} + 2 \cdot \frac{1}{2^6} + 2 \cdot \frac{1}{2^4} = \frac{23}{128}$$

Tabel 2: Margaret'i inbriidingukoeftsient

Tee	$n_{ij} + m_{ij}$	F_i	F_{25} liidetav
19, 13 ,20,22	1 + 2	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^4}$
19, 14 ,20,22	1 + 2	$F_{14} = 0$	$\frac{1}{2^4}$

$$F_{25} = \frac{1}{2^4} + \frac{1}{2^4} = \frac{1}{8}$$

Tabelis 3 on esitatud kõikvõimalikud sama alleeli pärandumise rajad Charles II juhul. Summeerides kõik liidetavad, saadakse Charles II inbriidingukoeftsient $F_{31} = 0.217$ ja tema vanemate aditiivgenetilise suguluse kordaja $a_{27,30} = 0.434$.

Tabel 3: Charles'i II inbriidingukoeftsient

Tee	$n_{ij} + m_{ij}$	F_i	F_{31} liidetav
27,24,16,10,6, 1 ,7,13,19,25,28,30	5 + 6	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{12}}$
27,24,16,10,6, 1 ,7,13,19,26,29,30	5 + 6	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{12}}$
27,24,16,10,6, 1 ,7,13,20,22,25,28,30	5 + 7	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{13}}$
27,24,16,10,6, 1 ,7,13,20,22,26,29,30	5 + 7	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{13}}$
27,24,21,17,10,6, 1 ,7,13,19,25,28,30	6 + 6	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{13}}$
27,24,21,17,10,6, 1 ,7,13,19,26,29,30	6 + 6	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{13}}$
27,24,21,17,10,6, 1 ,7,13,20,22,25,28,30	6 + 7	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{14}}$
27,24,21,17,10,6, 1 ,7,13,20,22,26,29,30	6 + 7	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{14}}$
27,25,19,13,7, 1 ,6,10,16,24,28,30	5 + 6	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{12}}$
27,25,19,13,7, 1 ,6,10,17,21,24,28,30	5 + 7	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{13}}$
27,25,22,20,13,7, 1 ,6,10,16,24,28,30	6 + 6	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{13}}$
27,25,22,20,13,7, 1 ,6,10,17,21,24,28,30	6 + 7	$F_1 = 0$	$\frac{1}{2^{14}}$
Teed läbi 2. on samad, kui teed läbi 1.		$F_2 = 0$	
27,24,16,12, 7 ,13,19,25,28,30	4 + 5	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^{10}}$
27,24,16,12, 7 ,13,19,26,29,30	4 + 5	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^{10}}$
27,24,16,12, 7 ,13,20,22,25,28,30	4 + 6	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^{11}}$
27,24,16,12, 7 ,13,20,22,26,29,30	4 + 6	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^{11}}$
27,24,21,17,12, 7 ,13,19,25,28,30	5 + 5	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^{11}}$
27,24,21,17,12, 7 ,13,19,26,29,30	5 + 5	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^{11}}$
27,24,21,17,12, 7 ,13,20,22,25,28,30	5 + 6	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^{12}}$
27,24,21,17,12, 7 ,13,20,22,26,29,30	5 + 6	$F_7 = 0$	$\frac{1}{2^{12}}$
Teed läbi 8. on samad, kui teed läbi 7.		$F_8 = 0$	
27,24,21,18, 13 ,19,25,28,30	4 + 4	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^9}$
27,24,21,18, 13 ,19,26,29,30	4 + 4	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^9}$
27,24,21,18, 13 20,22,25,28,30	4 + 5	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^{10}}$
27,24,21,18, 13 20,22,26,29,30	4 + 5	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^{10}}$
27,25,19, 13 18,21,24,28,30	3 + 5	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^9}$
27,25,19, 13 20,22,26,29,30	3 + 5	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^9}$
27,25,22,20, 13 19,26,29,30	4 + 4	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^9}$
27,25,22,20, 13 18,21,24,28,30	4 + 5	$F_{13} = 0$	$\frac{1}{2^{10}}$
Teed läbi 14. on samad, kui teed läbi 13.			
27,25, 19 ,26,29,30	2 + 3	$F_{19} = 0$	$\frac{1}{2^6}$
27,25, 22 ,26,29,30	2 + 3	$F_{22} = 0$	$\frac{1}{2^6}$
27, 24 ,28,30	1 + 2	$F_{24} = \frac{23}{128}$	$\frac{1}{2^4}(1 + F_{24})$
27, 25 ,28,30	1 + 2	$F_{25} = \frac{1}{8}$	$\frac{1}{2^4}(1 + F_{25})$

1.3 Sugulus- ja inbriidingukoefitsientide leidmine Hendersoni meetodil

Suure sugupuu korral muutub Wright'i meetodi kasutamine keeruliseks, kuna sellisel juhul on vaja arvesse võtta väga palju võimalikke sama alleeli pärandumise rajasid, nii nagu näidati näites 1.2.1.

Alternatiivse meetodi tuletas USA geneetik ja statistik Charles Roy Henderson 1953. aastal. Hendersoni meetod põhineb kahel seosel.

Väide 1.3.1. Aditiivgeneetiline sugulus kahe indiviidi, X ja Y , vahel võrdub keskmise aditiivgeneetilise sugulusega indiviidi Y vanemate (W ja Z) ja indiviidi X vahel, ehk:

$$a_{XY} = \frac{1}{2}(a_{XW} + a_{XZ}).$$

Väide 1.3.2. Indiviidi Y inbriidingukoefitsient võrdub poolega tema vanemate vahelisest aditiivgeneetilisest sugulusest ning indiviidi aditiivgeneetiline sugulus iseendaga on

$$a_{YY} = 1 + F_Y = 1 + \frac{1}{2}a_{WZ}.$$

Selleks, et leida indiviidide suguluskoefitsiente Hendersoni meetodiga, kasutatakse järgmist algoritmi.

1. Kõik indiviidid järjestatakse genealoogiliselt nii, et esimene on kõige vanem ja viimane on kõige noorem.
2. Konstrueeritakse tabel, kus igale indiviidile vastab üks rida ja üks veerg nii, et indiviidid on järjestatud nagu 1. punktis kirjeldatud.
3. Tabeli täitmist alustatakse ülemisest vasakust nurgast (vanimast indiviidist). Siis saab järgmise indiviidi suguluse kordaja avaldada vanemate indiviidide suguluse kordajate kaudu, mis on juba tabelis olemas.
4. Kui indiviidi vanemad ei ole teada, siis arvestatakse, et tema aditiivgeneetiline sugulus iseendaga on 1, aga aditiivgeneetiline sugulus sugupuus eespool paiknevate indiviididega on 0.
5. Kui indiviidi vanem(ad) on teada, siis leitakse aditiivgeneetiline sugulus iseendaga väite 1.3.1 abil ning aditiivgeneetiline sugulus sugupuus eespool paiknevate indiviididega leitakse väite 1.3.2 abil.

Kokkuvõtteks saadakse tabel kus i -ndas veerus ja j -ndas reas (samuti i -ndas reas ja j -ndas veerus) on välja arvatud i -nda ja j -nda indiviidi vaheline aditiivgeneetilise suguluse kordaja.

Näide 1.3.1. Kasutades Hendersoni meetodit, arvutame Charles II (31.) inbriidingukoefitsiendi ja aditiivgeneetilise suguluse kordaja tema vanemate jaoks tuginedes joonisel 1 esitatud sugupuule.

Indiviidid on nummerdatud genealoogiliselt, nii nagu vaja (vt. Joonis 1). Kokku on sugupuus esitatud 31 indiviidi, seega koostatakse 31×31 tabel (vt. tabel 4).

Tabel 4: Tabeli algkuju

	1	2	3	...	31
1					
2					
3					
⋮					
31					

1.- 5. indiviidi vanemad ei ole teada (14. indiviidil ka). Seega kasutades Hendersoni meetodi algoritmi, on nende aditiivgeneetiline sugulus iseendaga 1 ning aditiivgeneetiline sugulus sugupuus eespool paiknevate indiviididega on 0 (vt. Tabel 5).

Tabel 5: Tabeli esimesd viis rida ja veergu

	1	2	3	4	5	...
1	1	0	0	0	0	...
2	0	1	0	0	0	...
3	0	0	1	0	0	...
4	0	0	0	1	0	...
5	0	0	0	0	1	...
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮

Teiste indiviidide vanem(ad) on teada ja seega on vaja aditiivgeneetiline su-

gulus arvutada väidetest 1.3.1 ja 1.3.2.

Järgnevalt arvutame aditiivgeneetiline sugulus 6. indiviidi jaoks tema eelaste ja iseendaga. 6. indiviidi vanemad on 1. ja 2., seega saame tulemused:

$$\begin{aligned}
 a_{6,1} &= \frac{1}{2}(a_{1,1} + a_{1,2}) = \frac{1}{2}(1 + 0) &= 0.5 \\
 a_{6,2} &= \frac{1}{2}(a_{1,2} + a_{2,2}) = \frac{1}{2}(0 + 1) &= 0.5 \\
 a_{6,3} &= \frac{1}{2}(a_{1,3} + a_{2,3}) = \frac{1}{2}(0 + 0) &= 0 \\
 a_{6,4} &= \frac{1}{2}(a_{1,4} + a_{2,4}) = \frac{1}{2}(0 + 0) &= 0 \\
 a_{6,5} &= \frac{1}{2}(a_{1,5} + a_{2,5}) = \frac{1}{2}(0 + 0) &= 0 \\
 a_{6,6} &= 1 + \frac{1}{2}a_{1,2} = 1 + 0 &= 1
 \end{aligned}$$

Tabel 6: Tabeli esimesed kuus rida ja veergu

	1	2	3	4	5	6	...
1	1	0	0	0	0	0.5	...
2	0	1	0	0	0	0.5	...
3	0	0	1	0	0	0	...
4	0	0	0	1	0	0	...
5	0	0	0	0	1	0	...
6	0.5	0.5	0	0	0	1	...
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\ddots

Analoogiliselt arvutame kõikide ülejäänude indiviidide jaoks. Joonisel 2 on esitatud Hapsburgide dünastia terve sugulus- ja inbriidingukoefitsientide tabel. Valge värviga on tähistatud need lahtrid, kus suguskoefitsient on võrdne nulliga. Mida tumedama värviga on värvitud lahter, seda suurem on vastavate indiviidide suguluskoefitsient. Tabeli peadiagonaalil on väljaarvutatud indiviidide suguluskoefitsiendid iseendaga. Juhul, kui peadiagonaalil olev väärtus on ühest suurem (indiviidi aditiivgeneetiline sugulus iseendaga on ühest suurem), on vastava indiviidi ema ja isa omavahel sugulused ja indiviidi inbriidingukoefitsient erineb nullist.

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25	X26	X27	X28	X29	X30	X31	
X1	1	0	0	0	0	0.5	0.5	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.25	0.25	0.125	0.125	0.125	0.188	0.062	0.25	0.219	0.094	0.094	0.156	0.156	0.047	0.102	0.129	
X2	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.25	0.25	0.125	0.125	0.125	0.188	0.062	0.25	0.219	0.094	0.094	0.156	0.156	0.047	0.102	0.129	
X3	0	0	1	0	0	0	0	0.5	0	0	0.25	0.25	0.25	0	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.062	0.125	0.125	0.094	0.094	0.109	0.109	0.047	0.078	0.094	
X4	0	0	0	1	0	0	0	0.5	0	0	0.25	0.25	0.25	0	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.062	0.125	0.125	0.094	0.094	0.109	0.109	0.047	0.078	0.094	
X5	0	0	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0	0	0	0	0.25	0.25	0.25	0	0	0	0	0.125	0	0.25	0.188	0	0	0.094	0.094	0	0.047	0.07
X6	0.5	0.5	0	0	0	1	0.5	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0	0.375	0.375	0.375	0.125	0.125	0.125	0.25	0.062	0.375	0.312	0.094	0.094	0.203	0.203	0.047	0.125	0.164	
X7	0.5	0.5	0	0	0	0.5	1	0	0.25	0.25	0.5	0.5	0.5	0	0.375	0.375	0.375	0.25	0.25	0.25	0.312	0.125	0.375	0.344	0.188	0.188	0.266	0.266	0.094	0.18	0.223	
X8	0	0	0.5	0.5	0	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.125	0.25	0.25	0.188	0.188	0.219	0.219	0.094	0.156	0.188	
X9	0.25	0.25	0	0	0.5	0.5	0.25	0	1	0.5	0.125	0.125	0.125	0	0.562	0.312	0.312	0.062	0.062	0.062	0.188	0.031	0.438	0.25	0.047	0.047	0.148	0.148	0.023	0.086	0.117	
X10	0.25	0.25	0	0	0.5	0.5	0.25	0	0.5	1	0.125	0.125	0.125	0	0.312	0.562	0.562	0.062	0.062	0.062	0.312	0.031	0.438	0.438	0.047	0.047	0.242	0.242	0.023	0.133	0.188	
X11	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.5	0.5	0.125	0.125	1	0.5	0.5	0	0.562	0.312	0.312	0.25	0.25	0.25	0.281	0.125	0.438	0.297	0.188	0.188	0.242	0.242	0.094	0.168	0.205	
X12	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.5	0.5	0.125	0.125	0.5	1	0.5	0	0.312	0.562	0.562	0.25	0.25	0.25	0.406	0.125	0.438	0.484	0.188	0.188	0.336	0.336	0.094	0.215	0.275	
X13	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.5	0.5	0.125	0.125	0.5	0.5	1	0	0.312	0.312	0.312	0.5	0.5	0.5	0.406	0.25	0.312	0.359	0.375	0.375	0.367	0.367	0.188	0.277	0.322	
X14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0.5	0.25	0.25	0	0.125	0.375	0.375	0.25	0.25	0.188	0.219	0.234	
X15	0.25	0.25	0.125	0.125	0.25	0.375	0.375	0.25	0.562	0.312	0.562	0.312	0.312	0	1.062	0.312	0.312	0.156	0.156	0.156	0.234	0.078	0.688	0.273	0.117	0.117	0.195	0.195	0.059	0.127	0.161	
X16	0.25	0.25	0.125	0.125	0.25	0.375	0.375	0.25	0.312	0.562	0.312	0.562	0.312	0	0.312	1.062	0.562	0.156	0.156	0.156	0.359	0.078	0.688	0.711	0.117	0.117	0.414	0.414	0.059	0.236	0.325	
X17	0.25	0.25	0.125	0.125	0.25	0.375	0.375	0.25	0.312	0.562	0.312	0.562	0.312	0	0.312	0.562	1.062	0.156	0.156	0.156	0.609	0.078	0.688	0.586	0.117	0.117	0.352	0.352	0.059	0.205	0.278	
X18	0.125	0.125	0.125	0.125	0	0.125	0.25	0.25	0.062	0.062	0.25	0.25	0.5	0.5	0.156	0.156	0.156	1	0.5	0.5	0.578	0.25	0.156	0.367	0.375	0.375	0.371	0.371	0.188	0.279	0.325	
X19	0.125	0.125	0.125	0.125	0	0.125	0.25	0.25	0.062	0.062	0.25	0.25	0.5	0.5	0.156	0.156	0.156	0.5	1	0.5	0.328	0.25	0.156	0.242	0.625	0.625	0.434	0.434	0.312	0.373	0.403	
X20	0.125	0.125	0.125	0.125	0	0.125	0.25	0.25	0.062	0.062	0.25	0.25	0.5	0.5	0.156	0.156	0.156	0.5	0.5	1	0.328	0.5	0.156	0.242	0.5	0.5	0.371	0.371	0.25	0.311	0.341	
X21	0.188	0.188	0.125	0.125	0.125	0.25	0.312	0.25	0.188	0.312	0.281	0.406	0.406	0.25	0.234	0.359	0.609	0.578	0.328	0.328	1.078	0.164	0.297	0.719	0.246	0.246	0.482	0.482	0.123	0.303	0.393	
X22	0.062	0.062	0.062	0.062	0	0.062	0.125	0.125	0.031	0.031	0.125	0.125	0.25	0.25	0.078	0.078	0.078	0.25	0.25	0.5	0.164	1	0.078	0.121	0.625	0.625	0.373	0.373	0.312	0.343	0.358	
X23	0.25	0.25	0.125	0.125	0.25	0.375	0.375	0.25	0.438	0.438	0.438	0.438	0.312	0	0.688	0.688	0.438	0.156	0.156	0.156	0.297	0.078	1.156	0.492	0.117	0.117	0.305	0.305	0.059	0.182	0.243	
X24	0.219	0.219	0.125	0.125	0.188	0.312	0.344	0.25	0.25	0.438	0.297	0.484	0.359	0.125	0.273	0.711	0.586	0.367	0.242	0.242	0.719	0.121	0.492	1.18	0.182	0.182	0.681	0.681	0.091	0.386	0.533	
X25	0.094	0.094	0.094	0.094	0	0.094	0.188	0.188	0.047	0.047	0.188	0.188	0.375	0.375	0.117	0.117	0.117	0.375	0.625	0.5	0.246	0.625	0.117	0.182	1.125	0.625	0.653	0.653	0.312	0.483	0.568	
X26	0.094	0.094	0.094	0.094	0	0.094	0.188	0.188	0.047	0.047	0.188	0.188	0.375	0.375	0.117	0.117	0.117	0.375	0.625	0.5	0.246	0.625	0.117	0.182	0.625	1.125	0.403	0.403	0.562	0.483	0.443	
X27	0.156	0.156	0.109	0.109	0.094	0.203	0.266	0.219	0.148	0.242	0.242	0.336	0.367	0.25	0.195	0.414	0.352	0.371	0.434	0.371	0.482	0.373	0.305	0.681	0.653	0.403	1.091	0.667	0.202	0.434	0.761	
X28	0.156	0.156	0.109	0.109	0.094	0.203	0.266	0.219	0.148	0.242	0.242	0.336	0.367	0.25	0.195	0.414	0.352	0.371	0.434	0.371	0.482	0.373	0.305	0.681	0.653	0.403	0.667	1.091	0.202	0.646	0.657	
X29	0.047	0.047	0.047	0.047	0	0.047	0.094	0.094	0.023	0.023	0.094	0.094	0.188	0.188	0.059	0.059	0.059	0.188	0.312	0.25	0.123	0.312	0.059	0.091	0.312	0.562	0.202	0.202	1	0.601	0.401	
X30	0.102	0.102	0.078	0.078	0.047	0.125	0.18	0.156	0.086	0.133	0.168	0.215	0.277	0.219	0.127	0.236	0.205	0.279	0.373	0.311	0.303	0.343	0.187	0.386	0.483	0.483	0.434	0.646	0.601	1.101	0.768	
X31	0.129	0.129	0.094	0.094	0.07	0.164	0.223	0.188	0.117	0.188	0.205	0.275	0.322	0.234	0.161	0.325	0.278	0.325	0.403	0.341	0.393	0.358	0.243	0.533	0.568	0.443	0.761	0.657	0.401	0.744	1.217	

Joonis 2: Hendersoni meetodiga arvutatud Hapsburgide dünastia kuningate sugulus- ja inbriidingukoefitsientide tabel soojuskaardina

Kokkuvõtteks on jooniselt 2 näha, et Charles II suguluskoefitsient iseendaga on $a_{31,31} = 1.217$. Järelikult tema inbriidingukoefitsient $F_{31} = 0.217$. Aga tema vanemate aditiivgeneetilise suguluse kordaja $a_{27,30} = 0.434$. Saadud tulemus on identne eelnevalt Wright'i meetodil leituga (vt. näide 1.2.1).

1.4 Aditiivgeneetilise suguluse maatriksi arvutamine Henderson-Quaasi meetodil

Järgnev punkt baseerub materjalile [8]. Iga positiivselt defineeritud sümmeetrilist maatriksit saab esitada Cholesky dekompositsioonina kujul $A = L \cdot L^T$, kus L on alumine kolmnurkmaatriks. Charles Henderson märkas, et siis saab analoogselt esitada ka aditiivgeneetilise suguluse maatriksit. Henderson näitas ka, et kolmnurkmaatriks sugulusmaatriksi Cholesky dekompositsioonis on esitatav kujul

$$L = T \cdot D,$$

kus T on alumine kolmnurkmaatriks, mille i . reas ja j . veerus paiknev element $t_{i,j}$ näitab, kui suure osa geenidest sai indiviid i indiviidilt j , D on diagonaalmaatriks, kus $D_{ii} = L_{ii}$.

Siis kehtib maatriksvõrdus

$$A = L \cdot L^T = T \cdot D \cdot (T \cdot D)^T = T \cdot D \cdot D \cdot T^T = T \cdot D^2 \cdot T^T.$$

Tähistame $D^2 := B$. Richard Quaas tuletas 1976. aastal seose, mille abil saab kiiresti aditiivgeneetilise suguluse maatriksit arvutada.

Väide 1.4.1. Olgu i -nda indiviidi vanemad Z ja W . Siis

$$B_{ii} = 0.5 - 0.25(F_Z + F_W),$$

kui i . indiviidi vanemad Z ja W on teada,

$$B_{ii} = 0.75 - 0.25(F_Z) \text{ või } B_{ii} = 0.75 - 0.25(F_W),$$

kui indiviidi üks vanematest on teada ning

$$B_{ii} = 1,$$

kui vanemad on teadmata.

Toodud valemeis F_Z ja F_W on vaatlusaluse indiviidi vanemate inbriidingukoefitsiendid.

Seega saab maatriksite T ja B leidmise järel arvutada ka aditiivgeneetilise suguluse maatriksi kujul

$$A = T \cdot B \cdot T^T.$$

Toodud meetodit nimetatakse ka Henderson-Quaasi meetodiks ning seda rakendatakse tänapäeval paljudes arvutiprogrammides, kuna see meetod töötab palju kiiremini kui tavaline Hendersoni meetod.

Näide 1.4.1. Kasutades Henderson-Quaasi meetodit, arvutame Charles II (31.) inbriidingukoefitsiendi ja aditiivgeneetilise suguluse kordaja tema vanemate jaoks tuginedes joonisel 1 esitatud sugupuule.

Tulemuse saamiseks, on meil vaja väja arvutada maatriksid T ja B . Indiviid i saab pooled geenidest emalt (indiviidilt Z) ja pooled geenidest isalt (indiviidilt W), seega indiviidilt j saab ta $\frac{1}{2} \cdot (t_{Z,j} + t_{W,j})$ osa geenidest. Maatriks T , mis on arvutatud seda seost kasutades, on esitatud joonisel 3. Väite 1.4.1 alusel arvutatud diagonaalmaatriks B on esitatud joonisel 4.

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25	X26	X27	X28	X29	X30	X31
1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0,5	0,5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	0,5	0,5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	0	0	0,5	0,5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	0,25	0,25	0	0	0,5	0,5	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0,25	0,25	0	0	0,5	0,5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0	0,5	0,5	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
12	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0	0,5	0,5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
13	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
15	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,25	0,25	0,25	0,5	0	0,5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
16	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,5	0	0,5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
17	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,5	0	0,5	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
18	0,125	0,125	0,125	0,125	0	0	0,25	0,25	0	0	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
19	0,125	0,125	0,125	0,125	0	0	0,25	0,25	0	0	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
20	0,125	0,125	0,125	0,125	0	0	0,25	0,25	0	0	0	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
21	0,1875	0,1875	0,125	0,125	0,125	0,125	0,125	0,25	0,25	0	0,25	0	0,25	0,25	0,25	0	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
22	0,0625	0,0625	0,0625	0,0625	0	0	0,125	0,125	0	0	0	0	0,25	0,25	0,25	0	0	0	0	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
23	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
24	0,21875	0,21875	0,125	0,125	0,1875	0,1875	0,25	0,25	0	0,375	0	0,375	0,125	0,125	0	0,5	0,25	0,25	0	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
25	0,09375	0,09375	0,09375	0,09375	0	0	0,1875	0,1875	0	0	0	0	0,375	0,375	0	0	0	0,5	0,25	0	0,5	0,25	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0
26	0,09375	0,09375	0,09375	0,09375	0	0	0,1875	0,1875	0	0	0	0	0,375	0,375	0	0	0	0,5	0,25	0	0,5	0,25	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0
27	0,15625	0,15625	0,109375	0,109375	0,09375	0,09375	0,21875	0,21875	0	0,1875	0	0,1875	0,25	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,125	0,25	0,25	0,25	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0	0
28	0,15625	0,15625	0,109375	0,109375	0,09375	0,09375	0,21875	0,21875	0	0,1875	0	0,1875	0,25	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,125	0,25	0,25	0,25	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0	0
29	0,046875	0,046875	0,046875	0,046875	0	0	0,09375	0,09375	0	0	0	0	0,1875	0,1875	0	0	0	0,25	0,125	0,25	0,125	0,25	0,25	0	0	0	0	0	0	0	0
30	0,1015625	0,1015625	0,078125	0,078125	0,046875	0,046875	0,15625	0,15625	0	0,09375	0	0,09375	0,21875	0,21875	0	0,125	0,0625	0,0625	0,25	0,125	0,125	0,25	0	0,25	0,25	0,25	0	0,5	0,5	0	0
31	0,1289062	0,12890625	0,09375	0,09375	0,0703125	0,0703125	0,1875	0,1875	0	0,140625	0	0,140625	0,234375	0,234375	0	0,1875	0,09375	0,09375	0,25	0,125	0,1875	0,25	0	0,375	0,375	0,125	0,5	0,25	0,25	0,5	0

Joonis 3: Hapsburgide dünastia maatriks T

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25	X26	X27	X28	X29	X30	X31
1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.484375	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.75	0	0	0	0	0	0	0	0	0
23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.46875	0	0	0	0	0	0	0	0
24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.46484375	0	0	0	0	0	0	0
25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0
26	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0
27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.423828125	0	0	0	0
28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.423828125	0	0	0
29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.71875	0	0
30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.477294921875	0
31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.45208740234375

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25	X26	X27	X28	X29	X30	X31	
1	1	0	0	0	0	0,5	0,5	0	0	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,25	0,25	0,125	0,125	0,125	0,188	0,062	0,25	0,219	0,094	0,094	0,156	0,156	0,047	0,102	0,129	
2	0	1	0	0	0	0,5	0,5	0	0	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,25	0,25	0,125	0,125	0,125	0,188	0,062	0,25	0,219	0,094	0,094	0,156	0,156	0,047	0,102	0,129	
3	0	0	1	0	0	0	0	0,5	0	0	0,25	0,25	0,25	0	0,125	0,125	0,125	0,125	0,125	0,125	0,125	0,062	0,125	0,125	0,094	0,094	0,109	0,109	0,047	0,078	0,094	
4	0	0	0	1	0	0	0	0,5	0	0	0,25	0,25	0,25	0	0,125	0,125	0,125	0,125	0,125	0,125	0,125	0,062	0,125	0,125	0,094	0,094	0,109	0,109	0,047	0,078	0,094	
5	0	0	0	0	1	0	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	0,25	0,25	0,25	0	0	0	0,125	0	0,25	0,188	0	0	0,094	0,094	0	0,047	0,07	
6	0,5	0,5	0	0	0	1	0,5	0	0,5	0,5	0,25	0,25	0,25	0	0,375	0,375	0,375	0,125	0,125	0,125	0,25	0,062	0,375	0,312	0,094	0,094	0,203	0,203	0,047	0,125	0,164	
7	0,5	0,5	0	0	0	0,5	1	0	0,25	0,25	0,5	0,5	0,5	0	0,375	0,375	0,375	0,25	0,25	0,25	0,312	0,125	0,375	0,344	0,188	0,188	0,266	0,266	0,094	0,18	0,223	
8	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	1	0	0	0,5	0,5	0,5	0	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,125	0,25	0,25	0,188	0,188	0,219	0,219	0,094	0,156	0,188
9	0,25	0,25	0	0	0,5	0,5	0,25	0	1	0,5	0,125	0,125	0,125	0	0,562	0,312	0,312	0,062	0,062	0,062	0,188	0,031	0,438	0,25	0,047	0,047	0,148	0,148	0,023	0,086	0,117	
10	0,25	0,25	0	0	0,5	0,5	0,25	0	0,5	1	0,125	0,125	0,125	0	0,312	0,562	0,562	0,062	0,062	0,062	0,312	0,031	0,438	0,438	0,047	0,047	0,242	0,242	0,023	0,133	0,188	
11	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,5	0,5	0,125	0,125	1	0,5	0,5	0	0,562	0,312	0,312	0,25	0,25	0,25	0,281	0,125	0,438	0,297	0,188	0,188	0,242	0,242	0,094	0,168	0,205	
12	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,5	0,5	0,125	0,125	0,5	1	0,5	0	0,312	0,562	0,562	0,25	0,25	0,25	0,406	0,125	0,438	0,484	0,188	0,188	0,336	0,336	0,094	0,215	0,275	
13	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,5	0,5	0,125	0,125	0,5	0,5	1	0	0,312	0,312	0,312	0,5	0,5	0,5	0,406	0,25	0,312	0,359	0,375	0,375	0,367	0,367	0,188	0,277	0,322	
14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0,5	0,5	0,5	0,25	0,25	0	0,125	0,375	0,375	0,25	0,25	0,188	0,219	0,234
15	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,375	0,375	0,25	0,562	0,312	0,562	0,312	0,312	0	1,062	0,312	0,312	0,156	0,156	0,156	0,234	0,078	0,688	0,273	0,117	0,117	0,195	0,195	0,059	0,127	0,161	
16	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,375	0,375	0,25	0,312	0,562	0,312	0,562	0,312	0	0,312	1,062	0,562	0,156	0,156	0,156	0,609	0,078	0,688	0,711	0,117	0,117	0,117	0,117	0,117	0,117	0,117	0,117
17	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,375	0,375	0,25	0,312	0,562	0,312	0,562	0,312	0	0,312	0,562	1,062	0,156	0,156	0,156	0,609	0,078	0,688	0,711	0,117	0,117	0,352	0,352	0,059	0,205	0,278	
18	0,125	0,125	0,125	0,125	0	0,125	0,25	0,25	0,062	0,062	0,25	0,25	0,5	0,5	0,156	0,156	0,156	1	0,5	0,578	0,25	0,156	0,367	0,375	0,375	0,371	0,371	0,188	0,279	0,325		
19	0,125	0,125	0,125	0,125	0	0,125	0,25	0,25	0,062	0,062	0,25	0,25	0,5	0,5	0,156	0,156	0,156	0,5	1	0,5	0,328	0,25	0,156	0,242	0,625	0,625	0,434	0,434	0,312	0,373	0,403	
20	0,125	0,125	0,125	0,125	0	0,125	0,25	0,25	0,062	0,062	0,25	0,25	0,5	0,5	0,156	0,156	0,156	0,5	0,5	1	0,328	0,5	0,156	0,242	0,5	0,5	0,371	0,371	0,25	0,311	0,341	
21	0,188	0,188	0,125	0,125	0,125	0,25	0,312	0,25	0,188	0,312	0,281	0,406	0,406	0,25	0,234	0,359	0,609	0,578	0,328	0,328	1,078	0,164	0,297	0,719	0,246	0,246	0,482	0,482	0,123	0,303	0,393	
22	0,062	0,062	0,062	0,062	0	0,062	0,125	0,125	0,031	0,031	0,125	0,125	0,25	0,25	0,078	0,078	0,078	0,25	0,25	0,5	0,164	1	0,078	0,121	0,625	0,625	0,373	0,373	0,312	0,343	0,358	
23	0,25	0,25	0,125	0,125	0,25	0,375	0,375	0,25	0,438	0,438	0,438	0,438	0,312	0	0,688	0,688	0,438	0,156	0,156	0,156	0,297	0,078	1,156	0,492	0,117	0,117	0,305	0,305	0,059	0,182	0,243	
24	0,219	0,219	0,125	0,125	0,188	0,312	0,344	0,25	0,25	0,438	0,297	0,484	0,359	0,125	0,273	0,711	0,586	0,367	0,242	0,242	0,719	0,121	0,492	1,18	0,182	0,182	0,681	0,681	0,091	0,386	0,533	
25	0,094	0,094	0,094	0,094	0	0,094	0,188	0,188	0,047	0,047	0,188	0,188	0,375	0,375	0,117	0,117	0,117	0,375	0,625	0,5	0,246	0,625	0,117	0,182	1,125	0,625	0,653	0,653	0,312	0,483	0,568	
26	0,094	0,094	0,094	0,094	0	0,094	0,188	0,188	0,047	0,047	0,188	0,188	0,375	0,375	0,117	0,117	0,117	0,375	0,625	0,5	0,246	0,625	0,117	0,182	0,625	1,125	0,403	0,403	0,562	0,483	0,443	
27	0,156	0,156	0,109	0,109	0,094	0,203	0,266	0,219	0,148	0,242	0,242	0,336	0,367	0,25	0,195	0,414	0,352	0,371	0,434	0,371	0,482	0,373	0,305	0,681	0,653	0,403	0,667	1,091	0,202	0,434	0,763	
28	0,156	0,156	0,109	0,109	0,094	0,203	0,266	0,219	0,148	0,242	0,242	0,336	0,367	0,25	0,195	0,414	0,352	0,371	0,434	0,371	0,482	0,373	0,305	0,681	0,653	0,403	0,667	1,091	0,202	0,434	0,763	
29	0,047	0,047	0,047	0,047	0	0,047	0,094	0,094	0,023	0,023	0,094	0,094	0,188	0,188	0,059	0,059	0,059	0,188	0,312	0,25	0,123	0,312	0,059	0,091	0,312	0,562	0,202	0,202	1	0,601	0,401	
30	0,102	0,102	0,078	0,078	0,047	0,125	0,18	0,156	0,086	0,133	0,168	0,215	0,277	0,219	0,127	0,236	0,205	0,279	0,373	0,311	0,303	0,343	0,182	0,386	0,483	0,483	0,434	0,646	0,601	1,101	0,768	
31	0,129	0,129	0,094	0,094	0,07	0,164	0,223	0,188	0,117	0,188	0,205	0,275	0,322	0,234	0,161	0,325	0,278	0,325	0,403	0,341	0,393	0,358	0,243	0,533	0,568	0,443	0,763	0,657	0,401	0,768	1,217	

Joonis 5: Henderson-Quaasi meetodil leitud aditiivgeneetilise suguluse maat-
riks Hispaania Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu jaoks

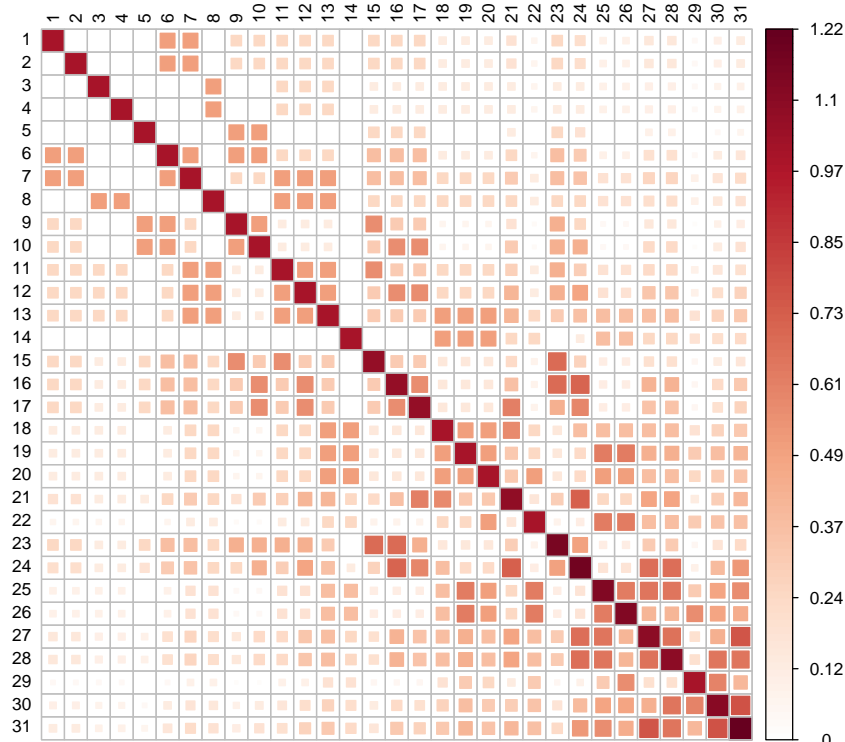
2 Sugupuu analüüs R-s

2.1 Isekirjutatud funktsioonid aditiivgenetilise suguluse maatriksi arvutamiseks R-s

Tänu oma lihtsusele on algoritm suguluskoefitsientide maatriksi leidmiseks Hendersoni meetodil realiseeritav erinevates programmeerimiskeeltes. Lisas 1 on toodud antud töö autori poolt kirjutatud R-i skript arvutamaks Hapsburgide dünastia kuningate sugulus- ja inbriidingukoetsientide maatriksit Hendersoni meetodil. Kuna kõige lihtsam on Hendersoni meetodit realiseerida juhul, kui sugupuusse kuuluvad individid on juba järjestatud genealoogiliselt ja nummerdatud alates ühest (taolisele kujule teisendavad sugupuu andmeid analüüside eelselt ka mitmed populatsioonigeneetika programmid), on ka Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu andmed antud ette numbriliselt alates väärtusest üks.

Hendersoni meetodit realiseeriv algoritm ise koosneb kahest tsüklist – esimehe üle konstrueeritava maatriksi kõigi veergude (või ridade) ja teine üle kõigi ridade (või vastavalt veergude). Seejuures ei ole maatriksi sümmeetrilisuse tõttu vaja eraldi välja arvutada kõiki elemente, vaid piisab peadiagonaalist ja sellest allapoole (või ülespoole) jäävast kolmnurgast. Maatriksi täitmist alustatakse ülemisest vasakust nurgast – esimese rea ja esimese veeru elemendist – ning liigutakse veerg-veerult ja rida-realt allapoole, arvutades kõik järgnevad elemendid (suguluskoefitsiendid) vastavalt väidetes 1.3.1 ja 1.3.2 esitatud valemitele.

Lisaks suguluskoefitsientide maatriksi konstrueerimisele on Lisas 1 toodud R-i skript ka sugulusmaatriksi esitamiseks soojuskaardina funktsiooni `corrplot` abil. Samanimelisse paketti kuuluv funktsioon `corrplot` on peamiselt mõeldud küll korrelatsioonimaatriksite illustreerimiseks, aga võimaldab esitada graafiliselt ka mistahes muid maatrikseid. Joonisel 6 on esitatud Hapsburgide dünastia kuningate sugulus- ja inbriidingukoetsientide maatriks arvutatuna isekirjutatud funktsioonide abil ja visualiseerituna funktsiooniga `corrplot`[7].



Joonis 6: Hapsburgide dünastia kuningate sugulus- ja inbriidingukoetsientide maatriks esitatuna kuumuskaardina R-i funktsiooni *corrplot* abil

2.2 Sugupuu analüüs paketiga *pedigreemm*

R-s leidub mitmeid pakette, mis võimaldavad analüüsida indiviidide vahelisi sugulussidemeid. Enamusel neist on sugupuu analüüs vaid üks paljudest eesmärkidest ning enamasti ei ole nwwd paketid mõeldud ülimahukate andmetabelitega töötamiseks.

Pedigreemm[4] on R-i pakett, mille abil saab kiiresti analüüsida ka ülisuuri sugupuid ja välja arvutada inbriidingukoefitsiendid ning aditiivgeneetilised suguluse kordajad kõigile sugupuu indiviididele. Edasi on toodud kasutatud paketi funktsioonide nimikiri ja näidatud, kuidas neid rakendada Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu näite varal (vt. Joonis 1).

1. Funktsioon *pedigree*;
Paketi funktsioonide kasutamiseks on vaja, et objekt oleks spetsiaalsest

klassist *pedigree*. Sellest klassist objekti moodustamiseks on paketi olemas funktsioon *pedigree*. Nimetatud funktsioon modustab vektoritest sugupuu formaadis, mis sobib edaspidiseks analüüsiks.

Funktsiooni süntaks on järgmine:

`pedigree(sire, dam, label)`, kus

- *sire* - arvuline vektor (teadmata väärtuse korral pannakse **NA** või 0) isade identifitseeritavate koodidega,
- *dam* - arvuline vektor (teadmata väärtuse korral pannakse **NA** või 0) emade identifitseeritavate koodidega,
- *label* - arvuline vektor kõigi sugupuu indiviidide identifitseeritavate koodidega.

Näide 2.2.1. Kasutades protseduuri *pedigree*, moodustame Hispaania Hapsburgide dünastia (Joonis 1) sugupuu.

Saadud sugupuu on esitatud joonisel 7.

```
isa<-c(0,0,0,0,0,1,1,3,5,5,8,8,8,0,9,12,12,13,13,13,18,0,16,16,19,19,24,24,26,29,27)
ema<-c(0,0,0,0,0,2,2,2,4,6,6,7,7,7,0,11,10,10,14,14,14,17,20,15,21,22,22,25,25,0,28,30)
sugupuu <- pedigree(sire = isa, dam = ema, label= 1:31)
sugupuu
```

```
##      sire  dam
## 1  <NA> <NA>
## 2  <NA> <NA>
## 3  <NA> <NA>
## 4  <NA> <NA>
## 5  <NA> <NA>
## 6      1    2
## 7      1    2
## 8      3    4
## 9      5    6
## 10     5    6
## 11     8    7
## 12     8    7
## 13     8    7
## 14  <NA> <NA>
## 15      9   11
## 16     12   10
## 17     12   10
## 18     13   14
## 19     13   14
## 20     13   14
## 21     18   17
## 22  <NA>   20
## 23     16   15
## 24     16   21
## 25     19   22
## 26     19   22
## 27     24   25
## 28     24   25
## 29     26  <NA>
## 30     29   28
## 31     27   30
```

Joonis 7: R'i skript Hispaania Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu moodustamiseks

Nüüd on maatriks *sugupuu* klassist *pedigree* ja seda saab kasutada paketi *pedigreemm* funktsioonide argumendina.

2. Funktsioon *relfactor*;

Nimetatud funktsioon arvutab aditiivgeneetilise suguluse maatriksi A Cholesky dekompositsiooni² $A = L^T \cdot L$ ja väljastab ülemise kolmnurkmaatriksi L .

Funktsiooni süntaks on järgmine:

`relfactor(ped, labs)`, kus

- *ped* - sugupuu klassist *pedigree*, mille jaoks on vaja maatriksit L arvutada,
- *labs* - vektor või faktor, mis ütleb, mis indiviidide jaoks sugupuust *ped* arvutatakse maatriks L . Vaikimisi arvutatakse maatriksit L iga sugupuu *ped* idiviidi jaoks.

Näide 2.2.2. Kasutades protseduuri *relfactor* leiame Cholesky dekompositsiooni maatriksi L näides 2.2.1 saadud sugupuu jaoks.

```
L<-relfactor(sugupuu)
tabel<-as.matrix(round(L,3))
write.xlsx(tabel, "L-maatriks.xlsx")
```

Joonis 8: R'i skript L -maatriksi ledmiseks Hispaania Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu jaoks

²Cholesky dekompositsiooniks nimetatakse sümmeetrilise positiivselt defineerud maatriksi A esitamist kujul $A = L^T \cdot L$, kus L on ülemine kolmnurkmaatriks.

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25	X26	X27	X28	X29	X30	X31			
1	1	0	0	0	0	0,5	0,5	0	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,25	0,25	0,125	0,125	0,125	0,188	0,062	0,25	0,219	0,094	0,094	0,156	0,156	0,047	0,102	0,129			
2	0	1	0	0	0	0,5	0,5	0	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,25	0,25	0,125	0,125	0,125	0,188	0,062	0,25	0,219	0,094	0,094	0,156	0,156	0,047	0,102	0,129			
3	0	0	1	0	0	0	0	0,5	0	0	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,25	0,25	0,125	0,125	0,125	0,188	0,062	0,25	0,219	0,094	0,094	0,156	0,156	0,047	0,102	0,129			
4	0	0	0	1	0	0	0	0,5	0	0	0,25	0,25	0,25	0	0,25	0,25	0,25	0,125	0,125	0,125	0,188	0,062	0,25	0,219	0,094	0,094	0,156	0,156	0,047	0,102	0,129			
5	0	0	0	0	1	0	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	0,25	0,25	0,25	0	0	0	0	0,125	0	0,25	0,188	0	0	0,094	0,094	0	0,047	0,07		
6	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0,354	0,354	0	0	0	0	0,177	0,177	0,177	0	0	0	0	0,088	0	0,177	0,133	0	0	0,066	0,066	0	0,033	0,05		
7	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0,354	0,354	0,354	0	0,177	0,177	0,177	0,177	0,177	0,177	0,177	0,088	0,177	0,177	0,133	0,133	0,155	0,155	0,066	0,11	0,133			
8	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0,354	0,354	0,354	0	0,177	0,177	0,177	0,177	0,177	0,177	0,177	0,088	0,177	0,177	0,133	0,133	0,155	0,155	0,066	0,11	0,133			
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0	0	0,354	0	0	0	0	0	0	0	0	0,177	0	0	0	0	0	0	0	0		
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0	0	0,354	0,354	0	0	0	0	0	0,177	0	0,177	0,265	0	0	0,133	0,133	0	0,066	0,099	
11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0	0,354	0	0	0	0	0	0	0	0,177	0	0	0	0	0	0	0	0		
12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0	0,354	0,354	0	0	0	0	0,177	0	0,177	0,265	0	0	0,133	0,133	0	0,066	0,099	
13	0	0	0	0	0	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,354	0,354	0,354	0,177	0,177	0	0,088	0,265	0,265	0,177	0,177	0,133	0,155	0,166			
14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,5	0,5	0,5	0,25	0,25	0	0,125	0,375	0,375	0,25	0,25	0,188	0,219	0,234			
15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0	0	0	0	0	0,354	0	0	0	0	0	0	0	0		
16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0	0	0	0	0,354	0,354	0	0	0,177	0,177	0	0,088	0,133		
17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0,354	0	0	0,177	0	0	0,088	0,088	0	0,044	0,066			
18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0,354	0	0	0,177	0	0	0,088	0,088	0	0,044	0,066			
19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0	0	0	0	0,354	0,354	0,177	0,177	0,177	0,177	0,177			
20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0,354	0	0,177	0,177	0,088	0,088	0,088	0,088	0,088	0,088			
21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,348	0	0	0,174	0,174	0	0,087	0,13			
22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,433	0,433	0,217	0,217	0,217	0,217	0,217		
23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,685	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,682	0	0	0,341	0,341	0	0,17	0,256		
25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0,354	0,354	0	0,177	0,265	
26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,707	0	0,354	0,177	0,088	
27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,651	0	0	0,326	
28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,651	0	0,326	0,163
29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,848	0,424	0,212
30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,691	0,345	
31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,672	

Joonis 9: Hispaania Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu L-matriks

3. Funktsioon *getA*;

Nimetatud funktsioon arvutab aditiivgeneetilise suguluse matriksi. Funktsioon töötab nii, et aditiivgeneetilise suguluse matriks *A* saadakse Cholesky dekompositsioonist:

$$A = L^T \cdot L, \text{ kus}$$

- *L* on *refactor*'i abil saadud matriks,
- L^T on transponeeritud *L* matriks.

Funktsiooni süntaks on järgmine:

getA(*ped*), kus

- *ped* - sugupuu klassist *pedigree*, mille jaoks on vaja leida aditiivgeneetilise suguluse matriksi *A*.

Näide 2.2.3. Kasutades protseduuri *getA*, leiame aditiivgeneetilise suguluse matriksi *A* näides 2.2.1 saadud sugupuu jaoks.

```
A<-getA(sugupuu)
tabel_A<-as.matrix(round(A,3))
write.xlsx(tabel, "A-matriks.xlsx")
```

Joonis 10: R'i skript aditiivgeneetilise suguluse matriksi leidmiseks Hispaania Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu jaoks ja tulemuse eksportimine MS Excelisse

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25	X26	X27	X28	X29	X30	X31	
1	1	0	0	0	0	0	0.5	0.5	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.188	0.062	0.25	0.219	0.094	0.094	0.156	0.156	0.047	0.102	0.129	
2	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.188	0.062	0.25	0.219	0.094	0.094	0.156	0.156	0.047	0.102	0.129	
3	0	0	1	0	0	0	0	0.5	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.188	0.062	0.25	0.219	0.094	0.094	0.156	0.156	0.047	0.102	0.129	
4	0	0	0	1	0	0	0	0	0.5	0	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.188	0.062	0.25	0.219	0.094	0.094	0.156	0.156	0.047	0.102	0.129	
5	0	0	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0	0	0	0	0.25	0.25	0.25	0	0	0	0.125	0	0.25	0.188	0	0	0.094	0.094	0	0.047	0.07	
6	0.5	0.5	0	0	0	1	0.5	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.375	0.375	0.375	0.125	0.125	0.125	0.25	0.062	0.375	0.312	0.094	0.094	0.203	0.203	0.047	0.125	0.164
7	0.5	0.5	0	0	0	0.5	1	0	0.25	0.25	0.5	0.5	0.5	0	0.375	0.375	0.375	0.25	0.25	0.25	0.312	0.125	0.375	0.344	0.188	0.188	0.266	0.266	0.094	0.18	0.223	
8	0	0	0.5	0.5	0	0	0	1	0	0	0.5	0.5	0.5	0	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.125	0.25	0.25	0.188	0.188	0.219	0.219	0.094	0.156	0.188	
9	0.25	0.25	0	0	0.5	0.5	0.25	0	1	0.5	0.125	0.125	0.125	0.125	0	0.562	0.312	0.312	0.062	0.062	0.062	0.188	0.031	0.438	0.25	0.047	0.047	0.148	0.148	0.023	0.086	0.117
10	0.25	0.25	0	0	0.5	0.5	0.25	0	0.5	1	0.125	0.125	0.125	0.125	0	0.312	0.562	0.562	0.062	0.062	0.062	0.312	0.031	0.438	0.438	0.047	0.047	0.242	0.242	0.023	0.133	0.188
11	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.5	0.5	0.125	0.125	1	0.5	0.5	0	0.562	0.312	0.312	0.25	0.25	0.25	0.281	0.125	0.438	0.297	0.188	0.188	0.242	0.242	0.094	0.168	0.205	
12	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.5	0.5	0.125	0.125	0.5	1	0.5	0	0.312	0.562	0.562	0.25	0.25	0.25	0.406	0.125	0.438	0.484	0.188	0.188	0.336	0.336	0.094	0.215	0.275	
13	0.25	0.25	0.25	0.25	0	0.25	0.5	0.5	0.125	0.125	0.5	0.5	1	0	0.312	0.312	0.312	0.5	0.5	0.5	0.406	0.25	0.312	0.359	0.375	0.375	0.367	0.367	0.188	0.277	0.322	
14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0.5	0.25	0.25	0	0.125	0.375	0.375	0.25	0.25	0.188	0.219	0.234	
15	0.25	0.25	0.125	0.125	0.25	0.375	0.375	0.25	0.562	0.312	0.562	0.312	0.312	0	1.062	0.312	0.312	0.156	0.156	0.156	0.234	0.078	0.688	0.273	0.117	0.117	0.195	0.195	0.059	0.127	0.161	
16	0.25	0.25	0.125	0.125	0.25	0.375	0.375	0.25	0.312	0.562	0.312	0.562	0.312	0	0.312	1.062	0.562	0.156	0.156	0.156	0.359	0.078	0.688	0.711	0.117	0.117	0.414	0.414	0.059	0.236	0.325	
17	0.25	0.25	0.125	0.125	0.25	0.375	0.375	0.25	0.312	0.562	0.312	0.562	0.312	0	0.312	0.562	1.062	0.156	0.156	0.156	0.609	0.078	0.438	0.586	0.117	0.117	0.352	0.352	0.059	0.205	0.278	
18	0.125	0.125	0.125	0.125	0	0.125	0.25	0.25	0.062	0.062	0.25	0.25	0.5	0.5	0.156	0.156	0.156	1	0.5	0.5	0.578	0.25	0.156	0.367	0.375	0.375	0.371	0.371	0.188	0.279	0.325	
19	0.125	0.125	0.125	0.125	0	0.125	0.25	0.25	0.062	0.062	0.25	0.25	0.5	0.5	0.156	0.156	0.156	0.5	1	0.5	0.328	0.25	0.156	0.242	0.625	0.625	0.434	0.434	0.312	0.373	0.403	
20	0.125	0.125	0.125	0.125	0	0.125	0.25	0.25	0.062	0.062	0.25	0.25	0.5	0.5	0.156	0.156	0.156	0.5	0.5	1	0.328	0.5	0.156	0.242	0.5	0.5	0.371	0.371	0.25	0.311	0.341	
21	0.188	0.188	0.125	0.125	0.25	0.312	0.25	0.188	0.312	0.281	0.406	0.406	0.25	0.234	0.359	0.609	0.578	0.328	0.328	1.078	0.164	0.297	0.719	0.246	0.246	0.482	0.482	0.123	0.303	0.393		
22	0.062	0.062	0.062	0.062	0	0.062	0.125	0.125	0.031	0.031	0.125	0.125	0.25	0.25	0.078	0.078	0.078	0.25	0.25	0.5	0.164	1	0.078	0.121	0.625	0.625	0.373	0.373	0.312	0.343	0.358	
23	0.25	0.25	0.125	0.125	0.25	0.375	0.375	0.25	0.438	0.438	0.438	0.438	0.312	0	0.688	0.688	0.438	0.156	0.156	0.156	0.297	0.078	1.156	0.492	0.117	0.117	0.305	0.305	0.059	0.182	0.243	
24	0.219	0.219	0.125	0.125	0.188	0.312	0.344	0.25	0.25	0.438	0.297	0.484	0.359	0.125	0.273	0.711	0.586	0.367	0.242	0.242	0.719	0.121	0.492	1.18	0.182	0.182	0.681	0.681	0.091	0.386	0.533	
25	0.094	0.094	0.094	0.094	0	0.094	0.188	0.188	0.047	0.047	0.188	0.188	0.375	0.375	0.117	0.117	0.117	0.375	0.625	0.5	0.246	0.625	0.117	0.182	0.625	1.125	0.403	0.403	0.562	0.483	0.443	
26	0.094	0.094	0.094	0.094	0	0.094	0.188	0.188	0.047	0.047	0.188	0.188	0.375	0.375	0.117	0.117	0.117	0.375	0.625	0.5	0.246	0.625	0.117	0.182	0.625	1.125	0.403	0.403	0.562	0.483	0.443	
27	0.156	0.156	0.109	0.109	0.094	0.203	0.266	0.219	0.148	0.242	0.242	0.336	0.367	0.25	0.195	0.414	0.352	0.371	0.434	0.371	0.482	0.373	0.305	0.681	0.653	0.403	0.091	0.667	0.202	0.434	0.763	
28	0.156	0.156	0.109	0.109	0.094	0.203	0.266	0.219	0.148	0.242	0.242	0.336	0.367	0.25	0.195	0.414	0.352	0.371	0.434	0.371	0.482	0.373	0.305	0.681	0.653	0.403	0.667	1.091	0.202	0.646	0.657	
29	0.047	0.047	0.047	0.047	0	0.047	0.094	0.094	0.023	0.023	0.094	0.094	0.188	0.188	0.059	0.059	0.059	0.188	0.312	0.25	0.123	0.312	0.059	0.091	0.312	0.562	0.202	0.202	1	0.601	0.401	
30	0.102	0.102	0.078	0.078	0.047	0.125	0.18	0.156	0.086	0.133	0.168	0.215	0.277	0.219	0.127	0.236	0.205	0.279	0.373	0.311	0.303	0.343	0.182	0.386	0.483	0.483	0.434	0.646	0.601	1.101	0.768	
31	0.129	0.129	0.094	0.094	0.07	0.164	0.223	0.188	0.117	0.188	0.205	0.275	0.322	0.234	0.161	0.325	0.278	0.325	0.403	0.341	0.393	0.358	0.243	0.533	0.568	0.443	0.763	0.657	0.401	0.768	1.217	

Joonis 11: Hispaani Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu aditiivgeneetilise suguluse maatriks MS Excelis

Joonisel 11. on esitatud Hispaania Hapsburgide dünastia kuningate aditiivgeneetilise suguluse kordajate väärtused. Sama tulemus on saadud ka näites 1.3.1. (vt. Joonis 2).

- Funktsioon *inbreeding*;
 Nimetatud funktsioon arvutab inbriidingukoefitsiendi väärtused sugupuu indiviididele.

Funktsiooni süntaks on järgmine:

inbreeding(ped), kus

- ped* - sugupuu klassist *pedigree*, mille indiviidide jaoks on vaja inbriidingukoefitsiente leida.

Näide 2.2.4. Kasutades funktsiooni *inbreeding*, leiame inbriidingukoefitsiendid näites 2.2.1 saadud sugupuu indiviidide jaoks.

```
Inbriiding<-inbreeding(sugupuu)
round(Inbriiding,3)

## [1] 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000
## [12] 0.000 0.000 0.000 0.062 0.062 0.062 0.062 0.000 0.000 0.000 0.078 0.000
## [23] 0.156 0.180 0.125 0.125 0.091 0.091 0.000 0.101 0.217
```

Joonis 12: R'i skript inbriidingu koefitsientide ledmiseks Hispaania Hapsburgide dünastia kuningate sugupuu jaoks

Teades, et $F_X = a_{X,X} - 1$, näeme, et sama tulemus saadakse ka tabelist joonisel 11 ja joonisel 2 esitatud tabelitest.

3 Eesti piimaveiste sugupuu analüüs

3.1 Andmestiku kirjeldus

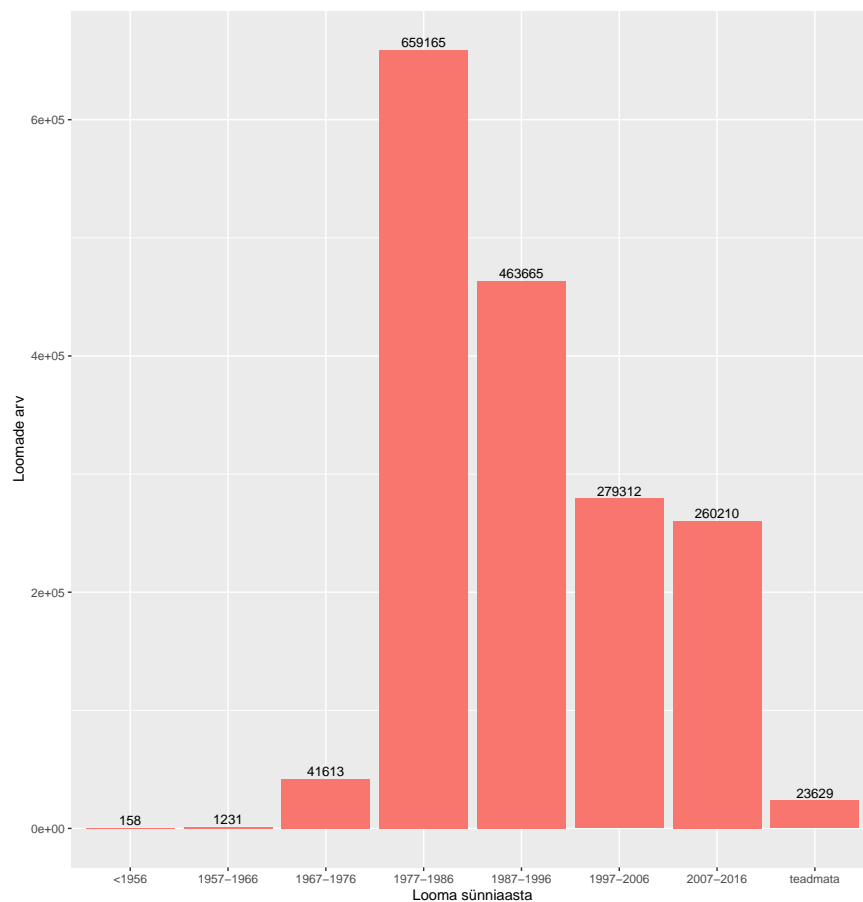
Selles peatükis analüüsitav Eesti piimaveiste sugupuu andmestik on pärit Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli AS-st (<https://www.jkkeskus.ee/>), kus seda kasutatakse piimaveiste regulaarsel geneetilisel hindamisel. Andmestik sisaldab kõigi 2018. aasta 1. märtsi seisuga karjas olnud Eesti piimaveiste ja nende eellaste põlvnemise andmeid. Andmestikus on kokku kuus veergu, milles on kirjas looma ID, isa ID, ema ID, sugu, tõug ja sünniaasta (Tabel 7).

Tabel 7: Eesti piimaveiste sugupuu andmestiku kümme esimest rida

ID	Sugu	Tõug	Sünniaasta	Isa ID	Ema ID
504718543	2	2	2016	60883	504496459
504718670	2	2	2016	504242856	503874641
504718851	2	2	2016	62235	504495005
504730884	2	2	2016	504296493	504492806
504731825	2	2	2016	503961926	504478981
504719009	2	3	2016	504454003	504148350
504719072	2	2	2016	503951238	504485687
504746897	2	2	2016	504547788	504399920
504737138	2	2	2016	504547772	503839998
504759569	2	1	2016	504546641	503914479
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮

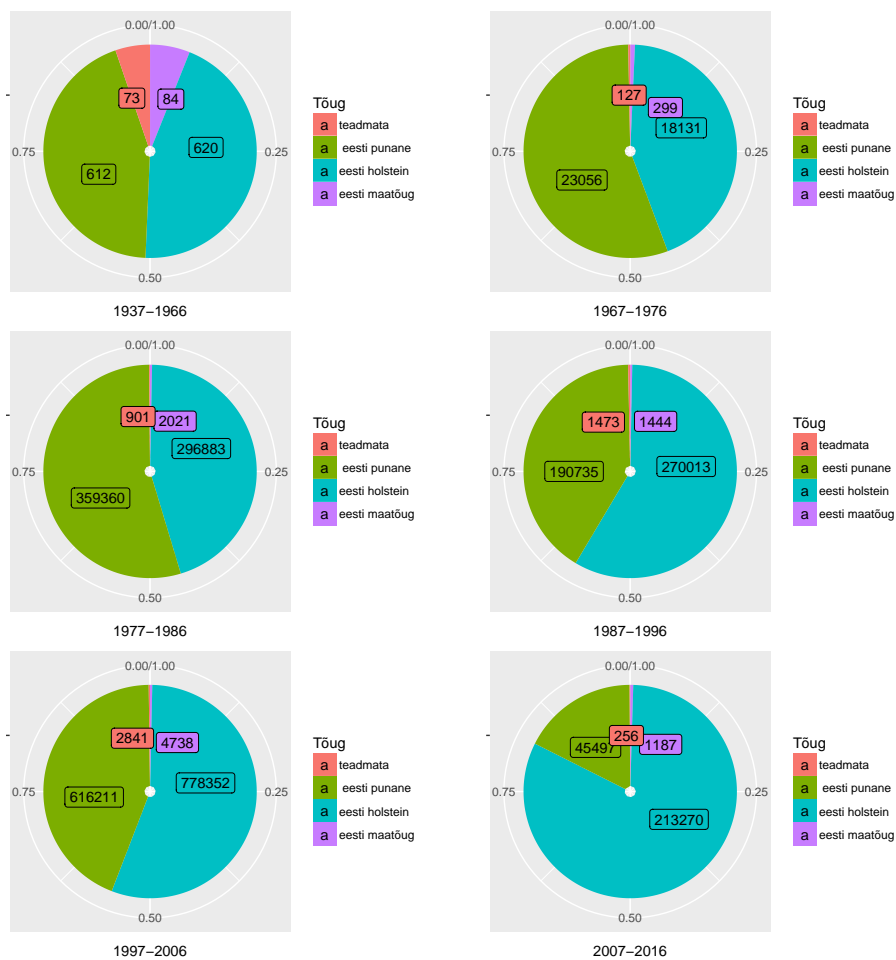
Andmetabelis on kokku 1728983 rida, kus iga rida vastab ühe loomale sugupuus, ehk andmestikus on kirjeldatud pisut enam kui 1,7 miljonit looma. Seega tähendab kõigi loomade inbriidingukoefitsientide ja omavaheliste suguluskoeftsientide arvutamine kokku 1,7 miljoni inbriidingukoefitsiendi ja ligikaudu 1,5 triljoni ($1,5 \cdot 10^{12}$) suguluskoeftsienti arvutamist.

Andmestikus on kirjeldatud loomad, kelle sünniaeg on vahemikus 1937. aastast kuni 2016. aastani. Joonisel 13 on esitatud loomade sünniaastate jaotus.



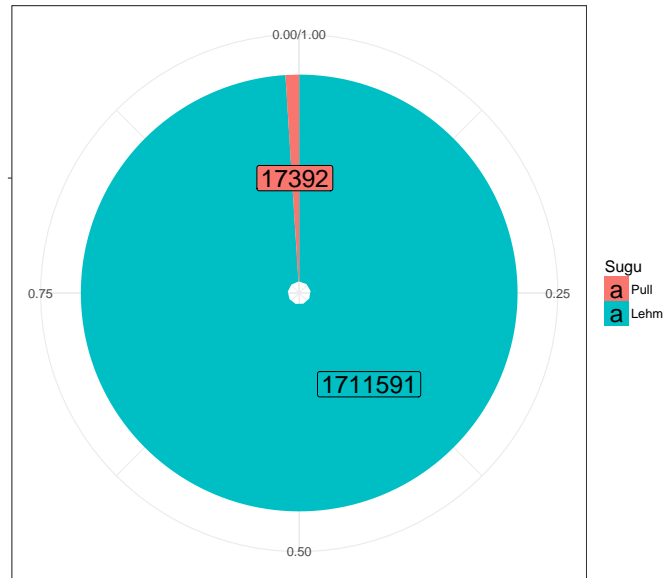
Joonis 13: Loomade sünniaasta jaotus

Andmebaasis on esindatud kõik kolm Eesti piimaveisetõugu: eesti punane (täht. 1), eesti holstein (täht. 2) ja eesti maatõug (täht. 3). Kui looma tõug on teadmata, siis tähistatakse ta nulliga. Põhjused, miks loomade geneetilisel hindamisel ja seeläbi ka sugupuu uurimisel ei saa piirduda vaid ühe tõuga, on järgmised. Esiteks toimub Eestis piimaveiste geneetiline hindamine ühiselt kõigi tõugude jaoks ja saadud hinnanguid korrigeeritakse hiljem vastavalt loomade tõule, ning teiseks ei ole tõugude vahelised piirid fikseeritud - näiteks on eesti punast tõugu lehma seemendatud eesti holsteini tõugu pullide spermaga ja eesti maatõugu lehma eesti punast tõugu pullide spermaga. Andmebaasis olevate loomade tõuline jaotus (kümnendite kaupa) on esitatud joonisel 14.



Joonis 14: Loomade tõuline jaotus kümnendite kaupa

Jooniselt 14 on näha, et vanemate loomade hulgas on eesti punast tõugu rohkem, aga nooremate loomade hulgas esineb sagedamini eesti holsteini tõug.



Joonis 15: Loomade sooline jaotus

Andmestikus kirjeldatud loomade hulgast on 1711591 lehma ja ainult 17392 pulli (Joonis 15), ehk lehma on 98,99%. Tegelikult sünnib pull- ja lehmvasikaid muidugi enam-vähem ühepalju (aastal 2017 olid sündinud vasikatest 51,1% pullvasikad ja 48,9% lehmvasikad[5]).

Põhjus, miks sugupuu andmetes on valdavalt vaid lehm, on selles, et pullvasikatest saadetakse peaaegu kõik loomad teatud kehamassi saavutamise järel tapamajja ning järglasi neist maha ei jää. Seeläbi ei ole mõtet neid loomi ka sugupuusse kirja panna, sest nende harud sugupuus ei vii enam kuhugi edasi. Lehmadel soovatakse aga piima ja selleks peab lehm poegima, st et lehmadel jääb maha üks kuni mitu järglast (kellest muidugi vaid ligikaudu pooled on emased ja saavad seeläbi kajastatud sugupuus). Tapamajja saadetud pullvasikaid ei panda sugupuusse kirja ka põhjusel (nende sünd muidugi registreeritakse, aga teistes andmebaasides), et nende juurdekasvu ja lihaomadusi Eestis ei registreerita ning seeläbi ka aretuses ei kasutata, mistõttu ei ole ka nende põlvnemine oluline.

3.2 Eesti piimaveiste omavaheline sugulus ja inbriiding

Nagu on öeldud eelmises punktis, on Eesti piimaveiste sugupuu andmestiku suurus $n = 1728983$ looma.

Seega on kogu sugulusmaatriksis $n \times n$ elementi. Kuna ülal- ja allpool peadiagonaali paiknevad elemendid on maatriksi sümmeetrilise tõttu identsed, on erinevate elementide arv

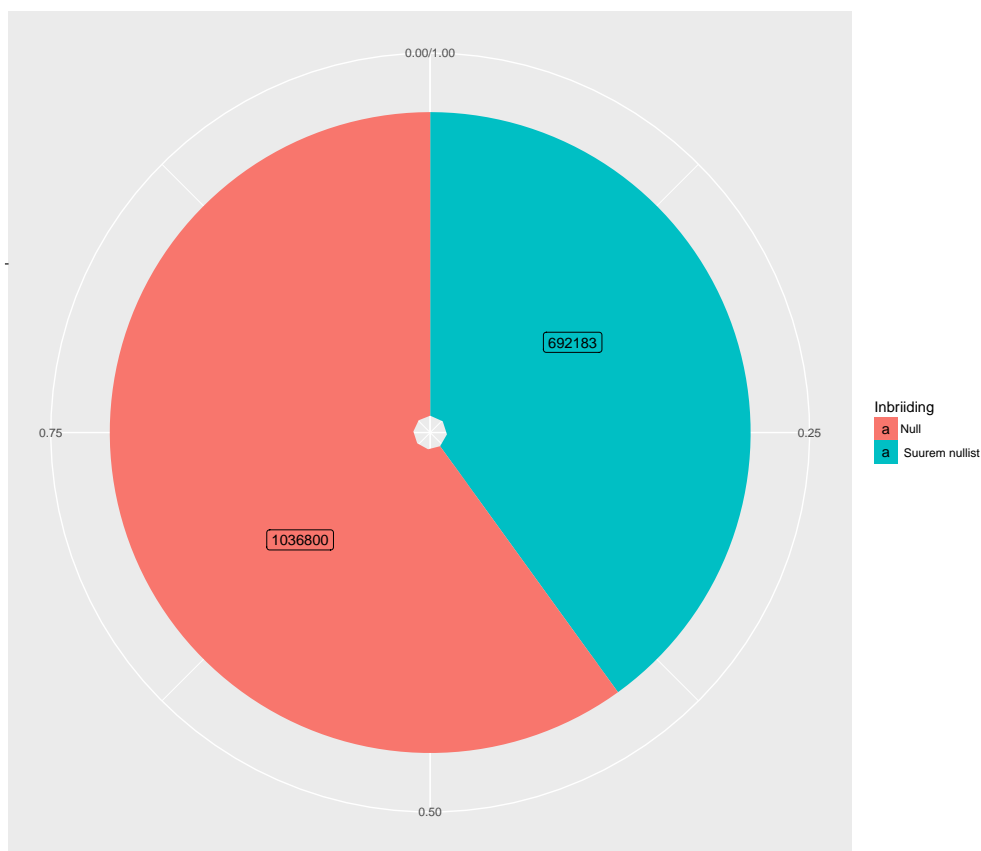
$$\frac{n \cdot n}{2} + \frac{n}{2} = \frac{n \cdot (n + 1)}{2}.$$

Selles avaldises esimene liidetav loeb kokku pooled maatriksi elemendid - so. peadiagonaalist üles- või allpoole jäävad elemendid pluss pooled peadiagonaali elementidest. Avaldise teine liidetav lisab puudu jäänud teise poole peadiagonaali elementidest.

Eesti piimaveiste sugulusmaatriks sisaldab seega 1728983 inbriidingukoefitsienti ja kokku $\frac{1728983 \cdot (1728983 + 1)}{2} = 1494691971636 \approx 1,5 \cdot 10^{12}$ erinevat suguluskoefitsienti.

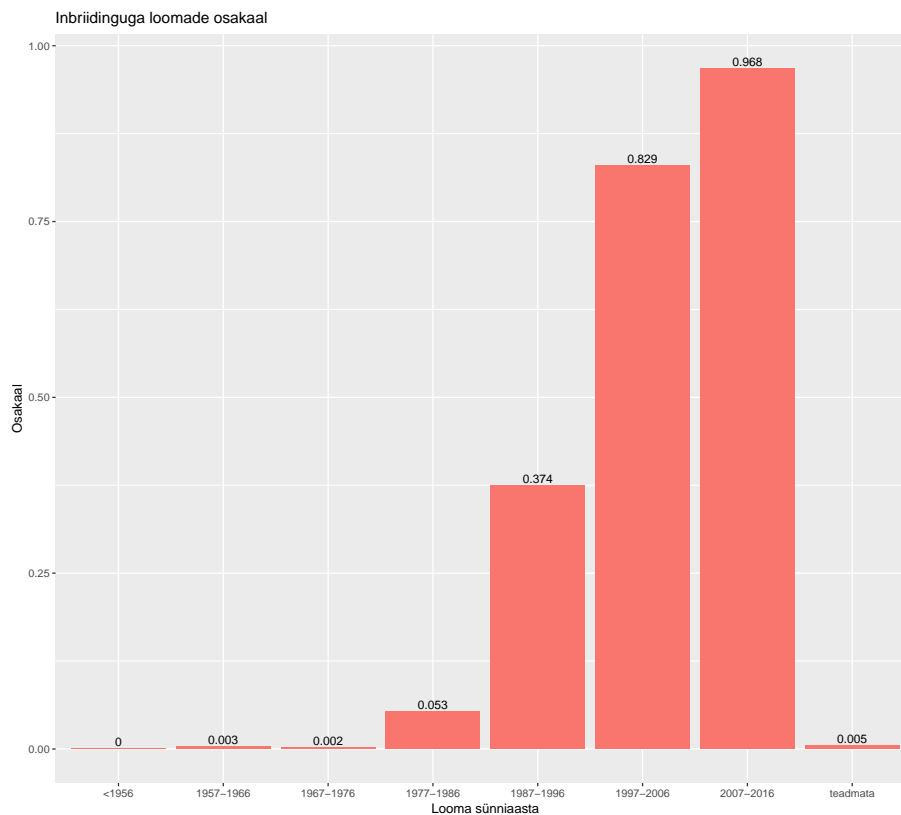
Kuna sedavõrd mahukas analüüs ei olnud mõeldav ise kirjutatud Hendersoni meetodil baseeruvate R-i funktsioonidega ja sugulusmaatriksi arvutamine käis üle jõu ka statistikaprogrammi *SAS* spetsiaalsele protseduurile *INBREED* [6], kasutati Eesti piimaveiste sugulusmaatriksi arvutamiseks peatükis 2.2 kirjeldatud üliefektiivset R-i paketti *pedigremm*. Siiski osutus kogu sugulusmaatriksi väljaarvutamine liiga töömahukas ka antud pakatile, mistõttu piirduti kogu sugupuu analüüsil vaid kõigi loomade inbriidingukoefitsientide leidmisega (vastav R-i kood on toodud Lisas 3).

Analüüsi tulemustest ilmnes, et inbriidingukoefitsient on nullist suurem 692183 loomal, mis on 40% kõigist sugupuusse kuuluvatest loomadest (Joonis 16).



Joonis 16: Inbreedingu olemasolu jaotus

Jooniselt 17 on näha, kuidas muutub inbreedinguga loomade osakaal aja jooksul. Eeldatakse, et esimese generatsiooni loomad ei ole omavahel suguluses ja nende inbreedingukoefitsiendid on võrdsed nulliga. Aja jooksul inbreedinguga loomade osakaal pidevalt kasvab ja aastatel 2007-2016 sündinud loomadest on juba tervelt 96,8%-l inbreedingukoefitsient suurem kui null. Siiski ei pruugi inbriidsete loomade osakaalu suurenemine tähendada lähisugulaste sagedasemat ristamist. Pigem on inbriidsete loomade osakaalu suurenemise põhjuseks järjest detailsemaks muutuvad põlvnemisandmed (1970.-ndatest ja varasemat ajast lihtsalt ei ole piisavalt infot loomade põlvnemise kohta palju generatsioone tagasi).

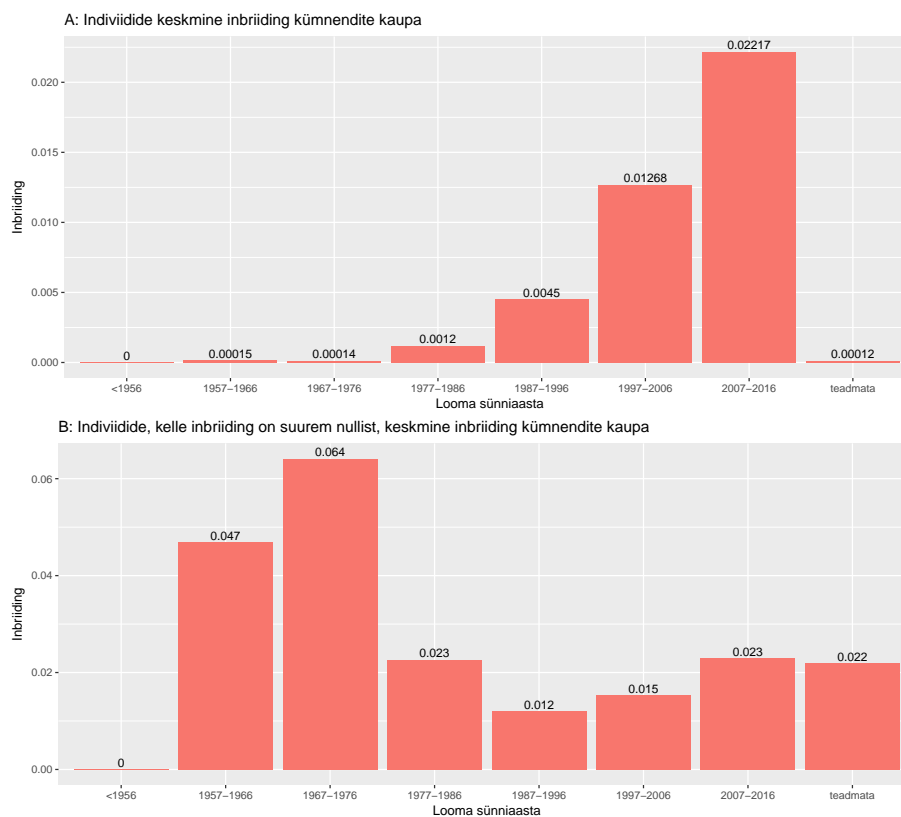


Joonis 17: Inbriidinguga loomade osakaal sünniaastate kaupa

Indiviidide keskmise inbriidingukoefitsiendi väärtus kasvab aja jooksul võrdeliselt inbriidinguga loomade osakaaluga (Joonis 18A). Nii on viimasel kümnendil keskmise inbriidingukoefitsiendi väärtus 0.022, mis on kogu vaatlusperioodi (1937 - 2016) maksimum, aga ei ole ikkagi väga kõrge.

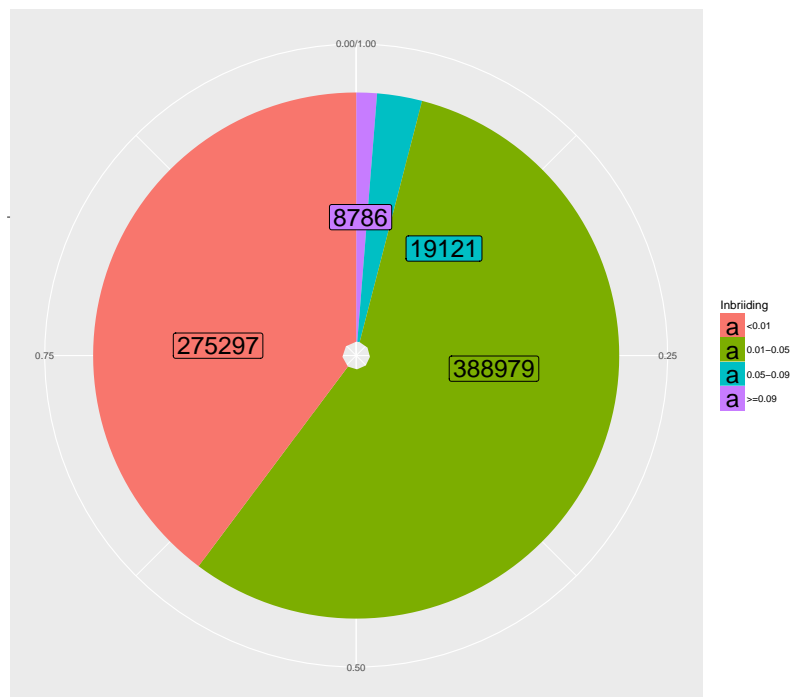
Kui leida keskmise inbriidingukoefitsiendi väärtus vaid nende loomade hulgas, kelle inbriidingukoefitsient on suurem nullist, siis on pilt teisugune (Joonis 18B). Muidugi on siin kõik väärtused kõrgemad, kui ülemisel pildil. Siin on näha, et kõige kõrgem oli inbriidingu tase ajavahemikus 1967. aastast kuni 1976. aastani (0.064). Aga keskmine inbriiding viimasel kümnendil on sama kui perioodil 1977-1986.

Jooniselt 18 on näha, et inbriidingu väärtus viimasel kümnendil on peaaegu sama ülemisel ja alumisel joonisel, vastavalt 0.022 ja 0.023. See on nii, kuna selles ajavahemikus on 97% loomadel inbriiding nullist erinev (Joonis 17).



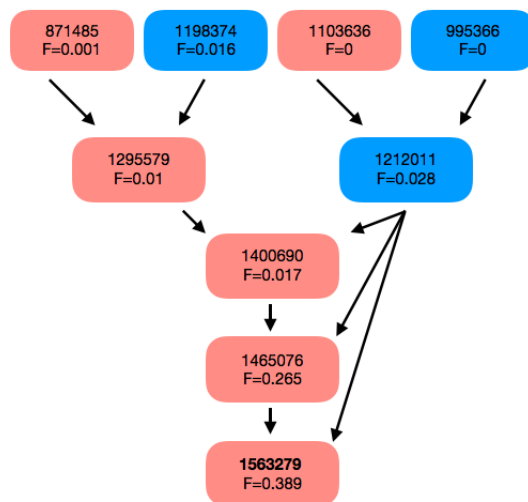
Joonis 18: A: indiviidide keskmine inbriiding kümnendite kaupa, B: indiviidide, kelle inbriiding on nullist erinev keskmine inbriiding kümnendite kaupa

Kui vaadelda vaid loomi, kelle inbriiding ei ole null, siis on näha, et suurima osa moodustavad need loomad, kelle inbriiding on väiksem kui 0.01 (40%) või on vahemikus 0.01 - 0.05 (56%). Suure inbriidingukoefitsiendiga (≥ 0.09) loomade osakaal on ainult 1.3% (Joonis 19).



Joonis 19: Inbriidingukoefitsiendi jaotus

Maksimaalne inbriidingukoefitsiendi väärtus on fikseeritud 2009. aastal sündinud lehmale numbriga 1563279. Tema inbriidingu koefitsient on 0.39. Nii suure väärtuse põhjus on selge, kui vaadelda nimetatud lehma sugupuud (Joonis 20). Esiteks lehma vanavanaemal ja vanavanaisal on juba inbriiding suurem nullist, kuid ei ole väga suur (vastavalt 0.01 ja 0.028). Peamine põhjus on selles, et nii nimetatud lehma vanavanaema, vanaema kui ka ema seemendati ühe ja sama pulli (1212011) spermaga.



Joonis 20: Lehma 1563279 sugupuu (4 generatsiooni)

3.3 Eesti piimakarjas viimastel aastatel kasutatud pullide omavaheline sugulus

Selles punktis on vaatluse all praegu kasutatud pullide omavaheline aditiivgeneetiline sugulus. Vaatluse alla võetakse vaid need pullid, kellel on sündinud vähemalt 100 last ja laste hulgas on neid, kes on sündinud pärast 2013. aastat. Teine tingimus tähendab, et pulli on kasutatud viimase viie aasta jooksul.

17392-st andmestikus kirjeldatud pullist 1915 pullil on 100 või rohkem last. Nende hulgas on 325 pulli, keda kasutati viimase viie aasta jooksul.

Selleks, et leida aditiivgeneetilise suguluse maatriksit, valitud pullide jaoks terve sugupuu põhjal, on vaja kõigepealt arvutada terve sugupuu sugulusmaatriks ja pärast seda valida sealt välja vaid meid huvitavatele pullidele vastavad read ja veerud. Kuna sugupuus on 1728983 looma, on vaja moodustada 1728983×1728983 sugulusmaatriks, milles on 2989382214289 (2.99 triljonit) lahtrit. Sedavõrd suure maatriksi arvutamise protsess võtab väga palju aega ja arvuti mälu. Seega ei ole seda võimalik teha isekirjutatud funktsioonide aditiivgeneetilise suguluse maatriksi arvutamiseks abil (vt. punkt 2.1) või otse realiseerida paketti *pedigreemm* kuuluva funktsiooni *getA* (vt. punkt 2.2) abil.

Aga kuna meid ei huvita terve aditiivgeneetilise suguluse maatriks, vaid üksnes aditiivgeneetilise suguluse maatriks valitud 325 pulli jaoks, siis saab

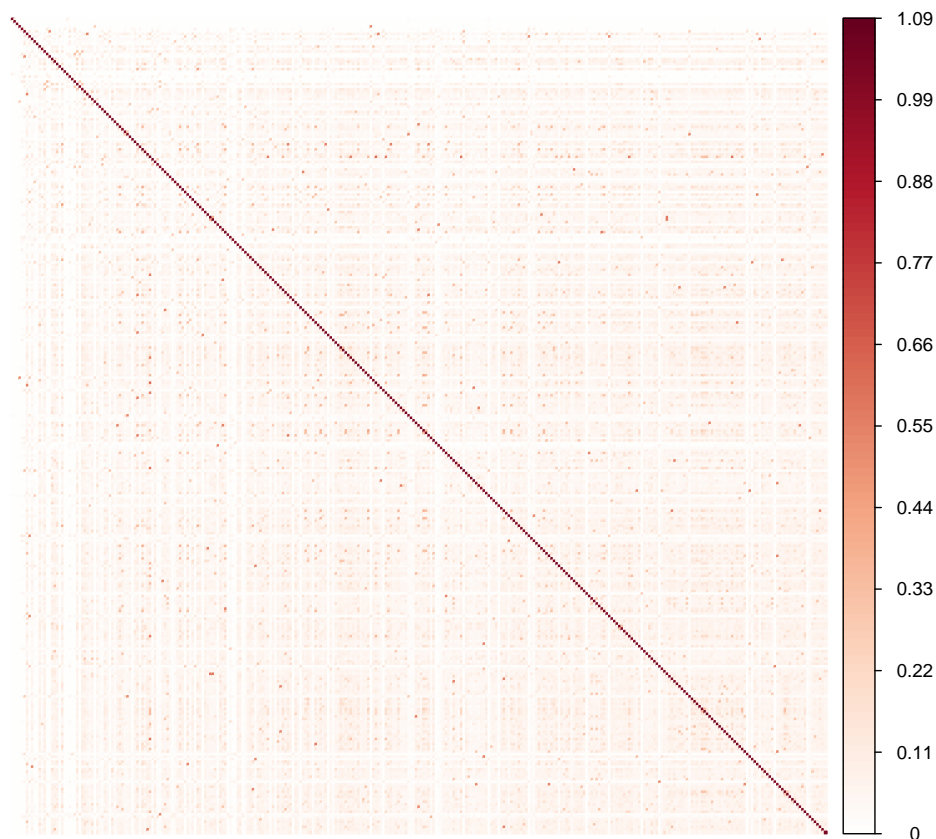
kasutada järgmist algoritmi.

- Leitakse funktsiooni *relfactor* (vt. punkt 2.2) abil maatriks L terve sugupuu jaoks nii, et $L^T \cdot L = A$, kus A on aditiivgeneetilise suguluse maatriks terve sugupuu jaoks.
- Leitakse transponeeritud L maatriks L^T .
- Valitakse huvipakkuvatele pullidele vastavad read maatriksist L^T ja saadakse maatriks M_1 dimensiooniga 325×1728983 .
- Valitakse huviliste pullidele vastavad veerud maatriksist L ja saadakse maatriks M_2 dimensiooniga 1728983×325 .
- Korrutatakse maatrikid M_1 ja M_2 .
- Saadakse maatriks dimensiooniga 325×325 , mis ongi huvipakkuvate pullide aditiivgeneetilise suguluse maatriks.

Lisas 4 on toodud kirjeldatud algoritmi realiseeriv R-i skript ning joonisel 21 on saadud maatriks visualiseeritud funktsiooni *corrplot* (vt. punkt 2.1) abil.

Kokku on maatriksi peadiagonaalil 325 aditiivgeneetilise suguluse kordajat indiviididel iseendaga ja nii peadiagonaalist ülal- kui ka allpool $\frac{325 \cdot (325+1)}{2} - 325 = 52650$ erinevat omavahelise aditiivgeneetilise suguluse kordajat.

Kokku 52650-st võimalikust loomade paarist 50376-l on aditiivgeneetilise suguluse kordaja nullist erinev, ehk tõenäosusega 0.96 on kaks viimastel aastatel kasutatud pulli omavahel suguluses. Kuid sugulus ei ole enamasti lähedane. Paaride arv, kellel on aditiivgeneetiline sugulus 0.125 või suurem, on 2122 (4.0%), aga poolvendade paare ($a_{x,y} = 0.25$) või lähedasemas suguluses olevaite pullide paare on ainult 420 (0.8%),



Joonis 21: 325 valitud pulli omavahelise aditiivgeneetilise suguluse maatriks soojuskaardina

Kui muuta valiku tingimused rangemaks - valida vaid need pullid, kellel on 500 või rohkem last ning kelle hulgas on ka pärast 2015. aastat sündinuid -, siis on andmestikus 45 sobivat pulli. Nende omavaheline aditiivgeneetiline sugulus soojuskaardina on esitatud joonisel 22.

Tulemused on analoogsed suurema hulga pullide analüüsil saaduga. Kokku 990-st pullide paarist 922-l on aditiivgeneetilise suguluse kordaja nullist erinev, ehk tõenäosusega 0.93 on kaks juhuslikult valitud pulli sellest hulgast omavahel suguluses. 3.7%-l paaridest on aditiivgeneetilise sugulusekordaja suurem kui 0.125 ning 0.8%-l on aditiivgeneetilise sugulusekordaja suurem kui 0.25.

[illegible]

Joonis 22: 45 valitud pulli omavahelise aditiivgeneetilise suguluse tabel soojuskaardina

Kokkuvõte

Käesolevas bakalaureuse töös näidati, et kuigi aditiivgeneetilise suguluse kordajate ja inbriidingukoefitsientide arvutamiseks sugupuu andmetel võib kasutada nii klassikalist Wright'i meetodit kui ka pisut uuemat Hendersoni meetodit, on keerukamate sugupuude korral kasulik rakendada just viimast. Hendersoni meetod, mis arvutab välja kõigi sugupuusse kuuluvate indiviidide omavahelised suguluskoefitsiendid ja esitab tulemuse sugulusmaatriksina, on lihtsalt programmeeritav ja vastav algoritm on realiseeritud ka antud töös statistikaprogrammi R funktsioonidena. Siiski selgus, et ülimahukate sugupuude uurimiseks on vaja spetsiaaltarkvara, millest antud töös on tutvustatud R-i paketti *pedigreemm*.

Enam kui 1,7 miljonit looma sisaldava Eesti piimaveiste sugupuu andmestiku analüüs näitas järgmist.

1. Nullist erineva inbriidingukoefitsiendiga loomade arv on järjest tõusnud, ulatudes aastail 2007- 2016 sündinud loomade hulgas 97%-ni. Siiski ei ole taoline tulemus tingitud üksnes omavahel suguluses olevate loomade sagedasemast ristamisest, vaid viitab ka sellele, et tänu järjest pikemat ajaperioodi hõlmavale põlvnemisinfolo hakkavad mõju avaldama ka kümnete generatsioonide tagused sisuliselt tähtsusetud sugulusside-med.
2. Üksnes nullist erineva inbriidingukoefitsiendiga loomade analüüs näitas, et kuigi inbriidsete loomade osakaal on aasta-aastalt tõusnud, on keskmine inbriiding viimasel aastakümnel sündinud loomadel madal (0,023), jäädes samale tasemele aastatel 1977-1986 sündinud loomade inbriidinguga ja olles tunduvalt madalam veel varem sündinud loomade inbriidingust. Seega välditakse tänapäeva tõuaretuses omavahel lähisuguluses olevate loomade ristamist edukalt. Siiski on keskmine inbriidingu tase aastail 2007-2016 sündinud inbriidsetel loomadel kõrgem, kui kümme-kakskümmend aastat varem sündinud loomadel, mis võib omakorda viidata justnimelt geneetilise varieeruvuse vähenemisele ja omavahel suguluses olevate pullide intensiivsele kasutamisele viimasel kümnendil.
3. Tänapäeval enam kasutatavate pullide täpsem analüüs näitas, et enamusel pullidest leiduvad küll ühised eellased, aga sugulus on enamasti kauge. Vaid 4,0%-l pullipaaridest oli aditiivgeneetilise suguluse kordaja väärtus 0.125 või enam ning vaid 0,8% pullipaaridest olid poolvennad või veel lähemad sugulased.

Seega ei anna käesoleva töö raames läbi viidud analüüsid põhjust muretseda Eesti piimaveiste liigse geneetilise sarnasuse üle. Samas, arvestades trende nii maailmas kui ka Eestis, on loomade geneetilise suguluse jätkuv monitoorimine nii sugupuu andmete kui ka juba tänapäevasemate geneetiliste markerite alusel kindlasti vajalik.

Kasutatud kirjandus

- [1] Kaart, T. (2010). Populatsioonigeneetika matemaatilised alused. Loengukonspekt.
- [2] Kaart, T. (2013). Loomade aretusväärtuse hindamine ja aretusprogrammid. Loengukonspekt.
- [3] Thompson, A. (2009). *Inbreeding: Downfall of a Dynasty. Life Science*. <https://www.livescience.com/3504-inbreeding-downfall-dynasty.html> (kasutatud: 30. märts 2018)
- [4] Statistikapaketi R dokumentatsioon. Package “pedigreemm”. Kättesaadav: <https://cran.r-project.org/web/packages/pedigreeemm/pedigreeemm.pdf> (kasutatud: 1. mai, 2018)
- [5] Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli AS. (2017) Eesti jõudluskontrolli aastaraamat. Ecoprint, Tartu
- [6] SAS/STAT 9.2 User’s Guide The INBREED Procedure (Book Excerpt). Kättesaadav: <https://support.sas.com/documentation/cdl/en/statuginbreed/61795/PDF/default/statuginbreed.pdf> (kasutatud: 1. mai, 2018)
- [7] Statistikapaketi R dokumentatsioon. Package “corrplot”. Kättesaadav: <https://cran.r-project.org/web/packages/corrplot/corrplot.pdf> (kasutatud: 1. mai, 2018)
- [8] Sargolzaei, M. ja Iwaisaki H. (2004) *An Efficient Algorithm for Computing Inbreeding Coefficients in Large Populations. Japanese Journal of Biometrics* Vol. 25, No. 1.

Lisad

Lisa 1.

R-kood suguluse maatriksi arvutamiseks Hendersoni meetodi abil

```
# Sugupuu andmete sisestamine
sugupuu<-matrix(nrow=31, ncol=2)
dimnames(sugupuu)<-list(c(1:31),c("Vanem1", "Vanem2"))

sugupuu[1:5,]<-c(0,0)
sugupuu[6,]<-c(1,2)
sugupuu[7,]<-c(1,2)
sugupuu[8,]<-c(3,4)
sugupuu[9,]<-c(5,6)
sugupuu[10,]<-c(5,6)
sugupuu[11,]<-c(7,8)
sugupuu[12,]<-c(7,8)
sugupuu[13,]<-c(7,8)
sugupuu[14,]<-c(0,0)
sugupuu[15,]<-c(9,11)
sugupuu[16,]<-c(10,12)
sugupuu[17,]<-c(10,12)
sugupuu[18,]<-c(13,14)
sugupuu[19,]<-c(13,14)
sugupuu[20,]<-c(13,14)
sugupuu[21,]<-c(17,18)
sugupuu[22,]<-c(0,20)
sugupuu[23,]<-c(15,16)
sugupuu[24,]<-c(16,21)
sugupuu[25,]<-c(19,22)
sugupuu[26,]<-c(19,22)
sugupuu[27,]<-c(24,25)
sugupuu[28,]<-c(24,25)
sugupuu[29,]<-c(0,26)
sugupuu[30,]<-c(28,29)
sugupuu[31,]<-c(27,30)

#Suguluskoefitsientide arvutamine
aYX <- function(X,y,data, M){
  W <- data[y,][1]
```

```

Z <- data[y,][2]
if(W!=0 && Z!=0){
  a_YX <- 1/2*(M[W,X]+M[X,Z])
} else if(W!=0 && Z==0){
  a_YX <- 1/2*(M[W,X])
} else if(W==0 && Z!=0){
  a_YX <- 1/2*(M[X,Z])
} else{
  a_YX <- 0
}
return(a_YX)
}

aYY<-function(x,y,data, M){
  W<-data[y,][1]
  Z<-data[y,][2]
  if(W*Z==0){
    a_YY <- 1
  } else{
    a_YY <- 1+1/2*M[W,Z]
  }
  return(a_YY)
}

#Funktsioon aditiivgeneetilise sugulusem aatriksi
#konstrueerimiseks
henderson<-function(data){
  l <- dim(data)[1]
  M <- matrix(nrow=l, ncol = l)
  dimnames(M) <- list(c(1:l),c(1:l))
  for(i in 1:l){
    for(j in 1:i){
      if(j!=i){
        M[j,i] <- aYX(j,i,data, M)
        M[i,j] <- M[j,i]
      }
    }
    else{
      M[j,i] <- aYY(j,i,data, M)
    }
  }
}

```

```

    }
  }
}
return (M)
}
Tulemus <- round(henderson(sugupuu), 3)

library(xlsx)
write.xlsx(Tulemus, "Henderson.xlsx", sheetName="Leht1")

library(corrplot)
col2 <- colorRampPalette(rev(c("#67001F", "#B2182B",
    "#D6604D", "#F4A582", "#FDDBC7", "#FFFFFF", "#D1E5F0",
    "#92C5DE", "#4393C3", "#2166AC", "#053061"))))
corrplot(Tulemus, is.corr=FALSE, cl.lim=c(0, max(Tulemus)),
method="square", tl.col="black", tl.cex=0.8, col=col2(200))

```

Lisa 2.

Eesti piimaveiste sugupuu-andmete kirjeldamise R-kood

```
#Andmestiku laadimine
mydata = read.csv(
file="/Users/kirillsmirnov/Desktop/Kirill Smirnov/EHF.pedigree.csv",
header=TRUE)

#Vajalik pakettide laadimine
install.packages(pkgs="pedigreemm")
library(package="pedigreemm")
library('ggplot2')

####Loomade sünniaastate jaotus
years<-c(length(mydata[mydata$SAasta==0,]$SAasta),
length(mydata[mydata$SAasta %in% c(1937:1956),]$SAasta),
length(mydata[mydata$SAasta %in% c(1957:1966),]$SAasta),
length(mydata[mydata$SAasta %in% c(1967:1976),]$SAasta),
length(mydata[mydata$SAasta %in% c(1977:1986),]$SAasta),
length(mydata[mydata$SAasta %in% c(1987:1996),]$SAasta),
length(mydata[mydata$SAasta %in% c(1997:2006),]$SAasta),
length(mydata[mydata$SAasta %in% c(2007:2016),]$SAasta))

###Sünniaastate jaotuse visualiseerimine paketi ggplot abil
Aeg_sagedus<-ggplot(data=as.data.frame(years),
aes(y=years,fill="red",
x=c("teadmata","<1956","1957-1966","1967-1976",
"1977-1986","1987-1996","1997-2006","2007-2016")))+
geom_bar(stat="identity")+
geom_text(aes(label=round(years)), vjust=-0.3, size=3.5)+
theme(legend.position="none")+
labs(x="Looma sünniaasta", y = "Loomade arv")
ggsave("Aeg_sagedus.pdf",Aeg_sagedus)

####Loomade sooline jaotus
Sugu_jaotus<-as.data.frame(table(mydata$Sugu))
###Loomade soolise jaotuse visualiseerimine
plot_sugu<-ggplot(Sugu_jaotus, aes(' ', Freq, fill = Var1)) +
geom_col(position = 'fill') +
```

```

geom_label(aes(label = Freq),size=8,
position = position_fill(vjust = 0.4))+
scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Sugu"),
labels = c("Pull", "Lehm")) +
theme_bw(base_size=15)+coord_polar(theta = 'y')+
labs( x="",y="")
ggsave("SUGU_sagedus.pdf",plot_sugu)

```

```

##Loomade tõuline jaotus kümnendite kaupa
###1937-1966
V1<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1937:1966),]
###1967-1976
V3<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1967:1976),]
###1977-1986
V4<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1977:1986),]
###1987-1996
V5<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1987:1996),]
###1997-2006
V6<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1977:2006),]
###2007-2016
V7<-mydata[mydata$SAasta %in% c(2007:2016),]

####
F7<-as.data.frame(table(V7$Toug))
F7$tim<-"7"
F7$proc<-F7$Freq/sum(table(V7$Toug))
F6<-as.data.frame(table(V6$Toug))
F6$tim<-"6"
F6$proc<-F6$Freq/sum(table(V6$Toug))
F5<-as.data.frame(table(V5$Toug))
F5$tim<-"5"
F5$proc<-F5$Freq/sum(table(V5$Toug))
F4<-as.data.frame(table(V4$Toug))
F4$tim<-"4"
F4$proc<-F4$Freq/sum(table(V4$Toug))
F3<-as.data.frame(table(V3$Toug))
F3$tim<-"3"
F3$proc<-F3$Freq/sum(table(V3$Toug))
F2<-as.data.frame(table(V1$Toug))

```

```

F2$tim<-"2"
F2$proc<-F2$Freq/sum(table(V1$Toug))
#Loomade tõulise jaotuse visualiseerimine
require(gridExtra)

plot2<-ggplot(F2, aes('', Freq, fill = Var1)) +
  geom_col(position = 'fill') +
  geom_label(aes(label = Freq),
    position = position_fill(vjust = c(1,0.4,0.4,0)))
+scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Tõug"),
  labels = c("teadmata", " eesti punane","eesti holstein",
    "eesti maatõug")) +
  coord_polar(theta = 'y')+labs( x="",y="1937-1966")

plot3<-ggplot(F3, aes('', Freq, fill = Var1)) +
  geom_col(position = 'fill') +
  geom_label(aes(label = Freq),
    position = position_fill(vjust = c(15,0.4,0.4,0)))
+scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Tõug"),
  labels = c("teadmata", " eesti punane","eesti holstein",
    "eesti maatõug")) +
  coord_polar(theta = 'y')+labs( x="",y="1967-1976")

plot4<-ggplot(F4, aes('', Freq, fill = Var1)) +
  geom_col(position = 'fill') +
  geom_label(aes(label = Freq),
    position = position_fill(vjust = c(24,0.4,0.4,-24)))
+scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Tõug"),
  labels = c("teadmata", "eesti punane","eesti holstein",
    "eesti maatõug")) +
  coord_polar(theta = 'y')+labs( x="",y="1977-1986")

plot5<-ggplot(F5, aes('', Freq, fill = Var1)) +
  geom_col(position = 'fill') +
  geom_label(aes(label = Freq),
    position = position_fill(vjust = c(24,0.4,0.4,-24)))
+scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Tõug"),
  labels = c("teadmata", "eesti punane","eesti holstein",
    "eesti maatõug")) +
  coord_polar(theta = 'y')+labs( x="",y="1987-1996")

```

```

plot6<-ggplot(F6, aes('', Freq, fill = Var1)) +
  geom_col(position = 'fill') +
  geom_label(aes(label = Freq),
    position = position_fill(vjust = c(24,0.4,0.4,-24)))
+scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Tõug"),
  labels = c("teadmata", "eesti punane","eesti holstein",
    "eesti maatõug")) +
  coord_polar(theta = 'y')+labs( x="",y="1997-2006")

plot7<-ggplot(F7, aes('', Freq, fill = Var1)) +
  scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Tõug"),
  labels = c("teadmata", "eesti punane","eesti holstein",
    "eesti maatõug")) +
  geom_col(position = 'fill') +
  geom_label(aes(label = Freq),
    position = position_fill(vjust = c(20,0.4,0.4,-10))) +
  coord_polar(theta = 'y')+labs( x="",y="2007-2016")

grid.arrange(plot2,plot3,plot4,
  plot5,plot6,plot7, ncol=2, nrow=3)
ggsave("toug_sagedus.pdf",grid.arrange(plot2,plot3,plot4,
  plot5,plot6,plot7, ncol=2, nrow=3), width = 10, height = 10)

```

Lisa 3.

Eesti piimaveiste sugupuu-andmete analüüsimise R-kood

```
###Uue andmestiku moodustamine, milles on
###vaid olulised tunnused loomade inbriidingu leidmiseks.
###See on tehtud arvuti töö kiirendamiseks.
vera<-mydata
vera$SeqID<-NULL
vera$Sugu<-NULL
vera$SAasta<-NULL

### Andmestiku klassist "pedigree" moodustamine
ped <- pedigree(sire = vera$SeqSire,
dam = vera$SeqDam, label= 1:length(vera$SeqSire))
###Inbriidingu leidmine
Inbreed<-inbreeding(ped)
mydata$Inbriid<-Inbreed

###Inbriidingu olemasolu visualiseerimine
plot_inbr<-ggplot(as.data.frame(table(mydata$Inbriid>0)),
aes(' ', Freq, fill = Var1)) +
  geom_col(position = 'fill') + geom_label(aes(label = Freq),
position = position_fill(vjust = 0.4))+
scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Inbriiding"),
labels = c("Null", " Suurem nulli")) +
coord_polar(theta = 'y')+labs( x="",y="")
ggsave("plot_inbr.pdf",plot_inbr)
```

```
##Indiviidide keskmise inbriidingu leidmine kümnendiku kaupa.
### Indiviidide, kelle inbriiding on nullist erinev,
### keskmise inbriidingu leidmine kümnendiku kaupa.
### Indiviidide inbriidingu olemasolu analüüs
### kümnendiku kaupa.

###1937-1956
im1<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1937:1956),]$Inbriid
osakaal1<-sum(im1>0)/length(im1)
kesk1<-mean(im1)
b01<-im1[im1>0]
```



```

###1957-1966
im2<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1957:1966),]$Inbriid
osakaal2<-sum(im2>0)/length(im2)
kesk2<-mean(im2)
b02<-im2[im2>0]
###1967-1976
im3<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1967:1976),]$Inbriid
osakaal3<-sum(im3>0)/length(im3)
kesk3<-mean(im3)
b03<-im3[im3>0]
###1977-1986
im4<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1977:1986),]$Inbriid
osakaal4<-sum(im4>0)/length(im4)
kesk4<-mean(im4)
b04<-im4[im4>0]
###1987-1996
im5<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1987:1996),]$Inbriid
osakaal5<-sum(im5>0)/length(im5)
kesk5<-mean(im5)
b05<-im5[im5>0]
###1997-2006
im6<-mydata[mydata$SAasta %in% c(1997:2006),]$Inbriid
osakaal6<-sum(im6>0)/length(im6)
kesk6<-mean(im6)
b06<-im6[im6>0]
###2007-2016
im7<-mydata[mydata$SAasta %in% c(2007:2016),]$Inbriid
osakaal7<-sum(im7>0)/length(im7)
kesk7<-mean(im7)
b07<-im7[im7>0]
####0
im8<-mydata[mydata$SAasta==0,$Inbriid
osakaal8<-sum(im8>0)/length(im8)
kesk8<-mean(im8)
b08<-im8[im8>0]
####
osakaalud<-c(osakaal8,osakaal1,osakaal2,osakaal3,
              osakaal4,osakaal5,osakaal6,osakaal7)
keskmised<-c(kesk8,kesk1,kesk2,kesk3,kesk4,
              kesk5,kesk6,kesk7)

```

```

keskmised_b0<-c(mean(b08),0,mean(b02),mean(b03),
               mean(b04),mean(b05),mean(b06),mean(b07))

### Tulemuste visualiseerimine

Osakaal_Joonis<-ggplot(data=as.data.frame(osakaalud),
aes(y=osakaalud,fill="red",
x=c("teadmata", "<1956", "1957-1966", "1967-1976",
"1977-1986", "1987-1996", "1997-2006", "2007-2016")) +
  geom_bar(stat="identity")+
  geom_text(aes(label=round(osakaalud,3)),
    vjust=-0.3, size=3.5)+ theme(legend.position="none")+
  labs(title="Indiviidide inbriidingu olemasoolu
osakaala jaotus", x="Looma sünniaasta", y = "Osakaal")

Keskmine_Joonis<-ggplot(data=as.data.frame(keskmised),
aes(y=keskmised,fill="red", x=c("teadmata",
"<1956", "1957-1966", "1967-1976",
"1977-1986", "1987-1996", "1997-2006", "2007-2016")) +
  geom_bar(stat="identity")+
  geom_text(aes(label=round(keskmised,5)),
    vjust=-0.3, size=3.5)+ theme(legend.position="none")+
  labs(title="A: Indiviidide keskmine inbriiding
kümnendite kaupa", x="Looma sünniaasta", y = "Inbriiding")

Keskmine_b0_Joonis<-ggplot(data=as.data.frame(keskmised_b0),
aes(y=keskmised_b0,fill="red",
x=c("teadmata", "<1956", "1957-1966", "1967-1976",
"1977-1986", "1987-1996", "1997-2006", "2007-2016")) +
  geom_bar(stat="identity")+
  geom_text(aes(label=round(keskmised_b0,3)),
    vjust=-0.3, size=3.5)+ theme(legend.position="none")+
  labs(title="B: Indiviidide, kelle inbriiding
on suurem nullist, keskmine inbriiding kümnendite kaupa",
x="Looma sünniaasta", y = "Inbriiding")

grid.arrange(Keskmine_Joonis,Keskmine_b0_Joonis, nrow=2)
ggsave("inbr_jaotus.pdf",grid.arrange(Keskmine_Joonis,
Keskmine_b0_Joonis, nrow=2))
ggsave("inbr_osakaal_jaotus.pdf",Osakaal_Joonis)

```

```

#### Inbriidingukoeftstiedi jaotus
inbs<-as.data.frame(table(mydata[mydata$Inbriid>0,]$Inbriid))

inbrsss<-c(
  sum(as.vector(inbs[as.vector(inbs$Var1)<0.01,]$Freq)),
  sum(as.vector(inbs[as.vector(inbs$Var1)<0.05
    & as.vector(inbs$Var1)>=0.01,]$Freq)),
  sum(as.vector(inbs[as.vector(inbs$Var1)<0.09
    & as.vector(inbs$Var1)>=0.05,]$Freq)),
  sum(as.vector(inbs[as.vector(inbs$Var1)>=0.09,]$Freq))
)
T1<-as.data.frame(inbrsss)
T1$n<-as.factor(c(1:4))
T1$inbrsss/ sum(T1$inbrsss)
#### Inbriidingukoeftsietide jaotuse visualiseerimine
plotT1<-ggplot(T1, aes('', inbrsss, fill = n))+
  scale_fill_discrete(guide = guide_legend(title = "Inbriiding"),
    labels = c("<0.01", "0.01-0.05", "0.05-0.09", ">=0.09")) +
  geom_col(position = 'fill')+
  geom_label(aes(label = inbrsss),size=8,
    position = position_fill(vjust = c(0.4, 3.5,0.4,0.4))) +
  coord_polar(theta = 'y')+labs( x="",y="")
ggsave("inbr0.pdf",plotT1)

```

Lisa 4.

Enam kui 100 järglasega ka peale 2012. aastat kasutatud pullide (n=325) aditiivgeneetilise suguluse maatriks soojuskaardi kujul.

```
#### Maatrksi L ja transponeeritud L leidmine
Tulemus<-relfactor(ped)
Tul1<-t(Tulemus)
####Tulemused on salvestatud selleks, et oleks võimalik neid
####kiiresti kasutatada, kuna eelmine funktsioon võtab väga
####palju aega
save(Tulemus,
file="/Users/kirillsmirnov/Desktop/Kirill Smirnov/getA_mat.RData")
save(Tul1,
file="/Users/kirillsmirnov/Desktop/Kirill Smirnov/trans_getA.RData")

####Funktsioon, mis võimaldab leida isade ID koodid,
####keda kasutati peale k.(aasta) aasta ja kellel on enam
####kui n (lapsed) järglast
select<-function(aasta, lapsed){
  ISA<-as.data.frame(
    table(mydata$SeqSire)[2:length(table(mydata$SeqSire))])
  Suur_ISA<-ISA[ISA$Freq>lapsed,]

  Suur_ISA_vector<-as.numeric(as.vector(Suur_ISA$Var1))
  ALL_SUUR_Lapsed<-mydata[mydata$SeqSire %in% Suur_ISA_vector,]
  VIIMASED_SUURED_ISAD_VEC<-unique(
    ALL_SUUR_Lapsed[ALL_SUUR_Lapsed$SAasta>=aasta,]$SeqSire)

  Kord<-Tul1[VIIMASED_SUURED_ISAD_VEC,]
  kord2<-Tulemus[,VIIMASED_SUURED_ISAD_VEC]
  tabla<-Kord %*% kord2
  K<-as.matrix(tabla)
  dimnames(K)<-list(
    VIIMASED_SUURED_ISAD_VEC,VIIMASED_SUURED_ISAD_VEC)
  return(K)
}
#### Enam kui 100 järglasega ka peale 2012.
####aastat kasutatud pullide (n=325)
#### aditiivgeneetilise suguluse maatriks soojukaardi kujul.
```

```

MM<-select(2013,100)
MM2<-select(2015,500)
round(MM2, 3)
library(xlsx)
write.xlsx(round(MM,3), "Henderson_ALL.xlsx",
sheetName="Leht1")
write.xlsx(round(MM2,3), "Henderson_day_2.xlsx",
sheetName="Leht1")

##Funktsioon, mis leiab, mitu paari on suguluses ja arvutab
##vastava asakaalu,
##Kui palju on paare,
#kelle aditiivgenetiline suguluse kordaja on suurem,
##kui 0.125 ja arvutab vastava osakaalu ning
##Kui palju on paare,
#kelle aditiivgeneetilise suguluse kordaja on suurem,
kui 0.25 ja arvutab vastava osakaalu.
sug<-function(Mat){
  s<-0
  l<-0
  xl<-0
  for(i in 1:dim(Mat)[1]){
    for(j in 1:dim(Mat)[2]){
      if(j>i){
        if(Mat[i,j]>0){s<-s+1
          if(Mat[i,j]>=0.125){l<-l+1
            if(Mat[i,j]>=0.25){xl<-xl+1}}}}
      }
    }
  }
  paaride_arv<-dim(Mat)[1]*(dim(Mat)[1]+1)/2-dim(Mat)[1]
  print(s)
  print(paaride_arv)
  print(s/paaride_arv)
  print(l)
  print(l/paaride_arv)
  print(xl)
  print(xl/paaride_arv)
}
sug(MM2)

```

```

sug(MM)

##Soojuskaart 325 valitud pullide jaoks
install.packages("corrplot")
library("corrplot")
pdf("Corr_325_pull.pdf")
col2 <- colorRampPalette(rev(c("#67001F", "#B2182B",
"#D6604D", "#F4A582", "#FDDBC7", "#FFFFFF", "#D1E5F0",
"#92C5DE", "#4393C3", "#2166AC", "#053061"))))
corrplot(MM, is.corr=FALSE, cl.lim=c(0, max(MM)),
method="color", tl.col="black", tl.cex=0.01, col=col2(200))
dev.off()

```

Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja lõputöö üldsusele kättesaadavaks tegemiseks

Mina, Kirill Smirnov,

1. annan Tartu Ülikoolile tasuta loa (lihtlitsentsi) enda loodud teose *Eesti piimakarjas kasutatavate pullide geneetiline sugulus*, mille juhendaja on Tanel Kaart,
 - 1.1. reprodutseerimiseks säilitamise ja üldsusele kättesaadavaks tegemise eesmärgil, sealhulgas digitaalarhiivi DSpace-is lisamise eesmärgil kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja lõppemiseni;
 - 1.2. üldsusele kättesaadavaks tegemiseks Tartu Ülikooli veebikeskkonna kaudu, sealhulgas digitaalarhiivi DSpace'i kaudu kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja lõppemiseni.
2. olen teadlik, et punktis 1 nimetatud õigused jäävad alles ka autorile.
3. kinnitan, et lihtlitsentsi andmisega ei rikuta teiste isikute intellektuaalomandi ega isikuandmete kaitse seadusest tulenevaid õigusi.

Tartus, 08.05.2018